Oikos

INSTITUTO DE ECOLOGIA
UNAM

Marzo 2017 No. 17

LA CIENCIA DE LA MILPA

DIRECTORIO

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

Dr. Enrique Luis Graue Wiechers
Rector

Dr. Leonardo Lomelí Vanegas
Secretario General

Ing. Leopoldo Silva Gutiérrez
Secretario Administrativo

Dr. Alberto Ken Oyama Nakagawa
Secretario de Desarrollo Institucional

Dr. César Iván Astudillo Reyes
Secretario de Servicios a la Comunidad

Dra. Mónica González Contró
Abogada General

Dr. William Lee Alardin
Coordinador de la Investigación Científica

M. en C. Néstor Enrique Martínez Cristo
Director General de Comunicación Social

INSTITUTO DE ECOLOGÍA

Dr. Constantino Macías García
Director

Dr. Juan Enrique Fornoni Agnelli
Secretario Académico

Lic. Daniel Zamora Fabila
Secretario Administrativo

Dr. Luis E. Eguiarte
Editor

Dra. Clementina Equihua Z.
Dra. Laura Espinosa Asuar
Asistentes editoriales

Esmeralda Osejo Brito
Asistencia técnica

M. en C. Yolanda Domínguez Castellanos
Formación

L. D. G. Julia Marín Vázquez
Diseño original

Oikos= es una publicación periódica del Instituto de Ecología de la UNAM. Su contenido puede reproducirse, siempre y cuando se cite la fuente y el autor. Dirección: Circuito Exterior S/N, anexo Jardín Botánico, C.U., Del. Coyoacán, C.P. 04510. México, www.web.ecologia.unam.mx. Cualquier comentario, opinión y correspondencia, favor de dirigirla a: Dra. Clementina Equihua Z., al Apartado Postal 70-275, Ciudad Universitaria, C.P. 04510, México, D.F., o a los faxes: (52 55) 5616-1976 y 5622-8995. Con atención a: Unidad de Divulgacion y Difusión, del Instituto de Ecología, UNAM. *Oikos*= es financiado por el proyecto PE205017 de PAPIME.

Impresión: Grupo Impreso, Monrovia 1101 Bis, Portales, Ciudad de México, 03300.

Esta obra se encuentra bajo Licencia de Creative Commons.

La opinión expresada en los artículos es responsabilidad del autor.

Imagen de portada diseñada por: Diego Rodrigo Ortega Díaz con imagen de Anat Zelligawski.

Oikos=

INSTITUTO DE ECOLOGIA UNAM

Marzo 2017 No. 17

Contenido

Del director

La milpa
Costantino Macías García..... 5

De los editores

La milpa es un espejo de la diversidad biológica y cultural de México
Luis E. Eguiarte, Clementina Equihua Z. y Laura Espinosa Asuar..... 7

Artículos

Las milpas de México
Mahelet Lozada-Aranda, Idalia Rojas Barrera, Alicia Mastretta Yanes, Alejandro Ponce-Mendoza, Caroline Burgeff, M. Andrea Orjuela-R. y Oswaldo Oliveros Galindo..... 10

De la milpa a la mesa: maíz, esquites y algo más...
Jonás Andrés Aguirre-Liguori..... 13

De la cueva a la mesa, y ahora al laboratorio genómico: la diversidad de calabazas de México
Guillermo Sánchez de la Vega..... 17

¿De la olla o refritos? Frijoles sazonados con una pizca de genómica
Azalea Guerra García..... 22

De Sonora a Yucatán. Chiles en México: diversidad y domesticación
Lev Jardón Barbolla..... 25

Las plantas arvenses: más que hierbas del campo
Beatriz Rendón-Aguilar, Luis A. Bernal-Ramírez y Georgina A. Sánchez-Reyes..... 30

Hecho en casa

De la genómica a la sostenibilidad: el caso de México
Luis David Alcaraz..... 35

Del director

La milpa

Constantino Macías García

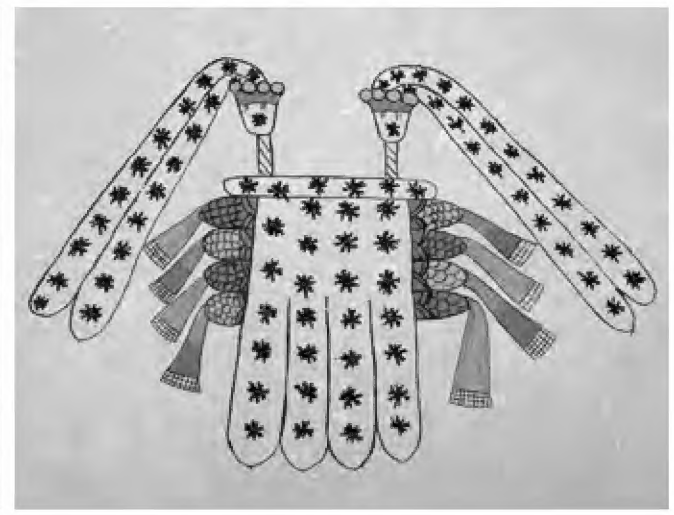
Milpa quiere decir en náhuatl, "sembradío". Se entiende que en Mesoamérica el nombre se haya aplicado históricamente a campos de maíz, y ello explicaría por qué no llamamos "milpa" a los trigales. Pero entonces, ¿por qué los sembradíos de maíz en otras latitudes se llaman maizales? Bueno, en esta entrega de *Oikos=* deberá quedar abundantemente claro: porque no son milpas.

Sitio de encuentro, espacio de coincidencias amorosas (o solamente eróticas), unidad de terreno, medida de riqueza —o de pobreza—, heredad, o, como recordamos al leer el libro *El espíritu del maíz* de Isabel Serrano, profusamente ilustrado por Ary Kahan, motivo y medio de expresiones artísticas, la milpa es, antes que nada, una tecnología agrícola sin parangón. Combinando la siembra de frijoles, tomates, chile, quelites, calabazas y maíz, los antiguos habitantes de Mesoamérica desarrollaron un sistema de policultivo que no sería reconocido, mucho menos entendido, sino hasta varios siglos después de que sus civilizaciones fueron obliteradas en un violento encuentro de culturas —tristemente ni el primero ni el último en la historia de la humanidad—.

Pero la milpa no fue eliminada. Subsistió, y sus componentes, desagregados, fueron llevados a todo el mundo. En la India el chile experimentó una diversificación tan impresionante como la que había tenido en Mesoamérica, y forma parte de las cocinas más espectaculares del sureste asiático. Las fotogénicas calabazas conquistaron todas las cocinas occidentales tanto como el jitomate, condimento por antonomasia de la cocina italiana, por ejemplo.

Pero es el maíz el producto de la milpa que ha tenido más impacto en la humanidad. Con más de 700 millones de toneladas anuales, el maíz representa más de un tercio del total de cereales producidos en el mundo. Sus usos, directamente para alimento humano, o de ganado, son sólo una parte de las formas en que lo aprovechamos; el almidón y otros derivados del maíz forman parte, como aditivos, de la mayoría de los alimentos procesados, y constituyen por tanto un mercado multimillonario.

A casi 500 años de que los europeos empezaron a llevarlo a otros países, el maíz y los maizales se han vuelto elementos integrales del paisaje en todo el mundo —aunque no deja de ser irritante verlos aparecer en películas como escenario de combates entre antiguos griegos o romanos—. La milpa, en cambio, se quedó en México y en Centroamérica. Los maizales en todo el mundo enfrentan el embate comercial de la agroindustria. Puedo imaginar los beneficios que la tecnología genómica podría aportar al cultivo del maíz —o de las calabazas, los frijoles, los quelites—. Quizá en condiciones controladas, aplicando criterios precautorios, algunos maizales puedan albergar maíces modificados genéticamente para combatir hambre o enfermedades. Pero yo primero apostaría a entender mejor los beneficios del policultivo que representa la milpa; me sorprendería que esta antigua agrotecnología no tuviera aún muchos agradables secretos que compartirnos.



Códice Borbónico. Imágenes: C. Loyola Blanco. Proyectos CONABIO FX004:2007-2009 y COFUPRO-2015

De los editores

La milpa es un espejo de la diversidad biológica y cultural de México

Luis E. Eguiarte, Clementina Equihua Z. y Laura Espinosa Asuar

La milpa es el principal logro tecnológico de los mexicanos, y uno de los más importantes de toda la humanidad. ¡Punto! A partir de la extraordinaria diversidad biológica de México, los habitantes del territorio que actualmente ocupa nuestro país fueron seleccionando poco a poco variedades de plantas que poseían características útiles para los seres humanos; seleccionaron plantas relacionadas con la alimentación, para usar en bebidas, para fibras, con aplicaciones medicinales o como ornato. Al mismo tiempo, estas variedades seleccionadas se fueron adaptando a la gran cantidad de ambientes climáticos, tipos de suelo y condiciones de cada región del país. Los antiguos americanos no sólo seleccionaban una especie en particular, sino que con sus actividades diarias fueron capaces de manejar y modificar a ecosistemas y paisajes enteros.

La obra maestra de esta interacción entre la diversidad biológica y cultural es el sistema agroecológico llamado milpa, donde coexisten, además de diferentes tipos de maíz, una gran cantidad de otras plantas domesticadas en México. Los protagonistas principales son las diferentes especies de frijol y calabaza, así como distintas especies de chiles y una innumerable cantidad de otras plantas que son particulares a las diferentes zonas del país, y se usan según la temporada o tradiciones culturales específicas. Esta diversidad vegetal, junto con todo el resto de la comunidad biológica, especialmente sus microbios (tanto bacterias como hongos, que viven en el suelo asociados a las raíces o en otros tejidos de la misma planta) forman el complejo y variable agro-ecosistema que cualquier mexicano conoce con el nombre de milpa, el cual ha sido desarrollado y ha coevolucionado durante miles de años gracias las actividades de nuestros ancestros, y aún hoy en día sigue existiendo y continúa evolucionando.

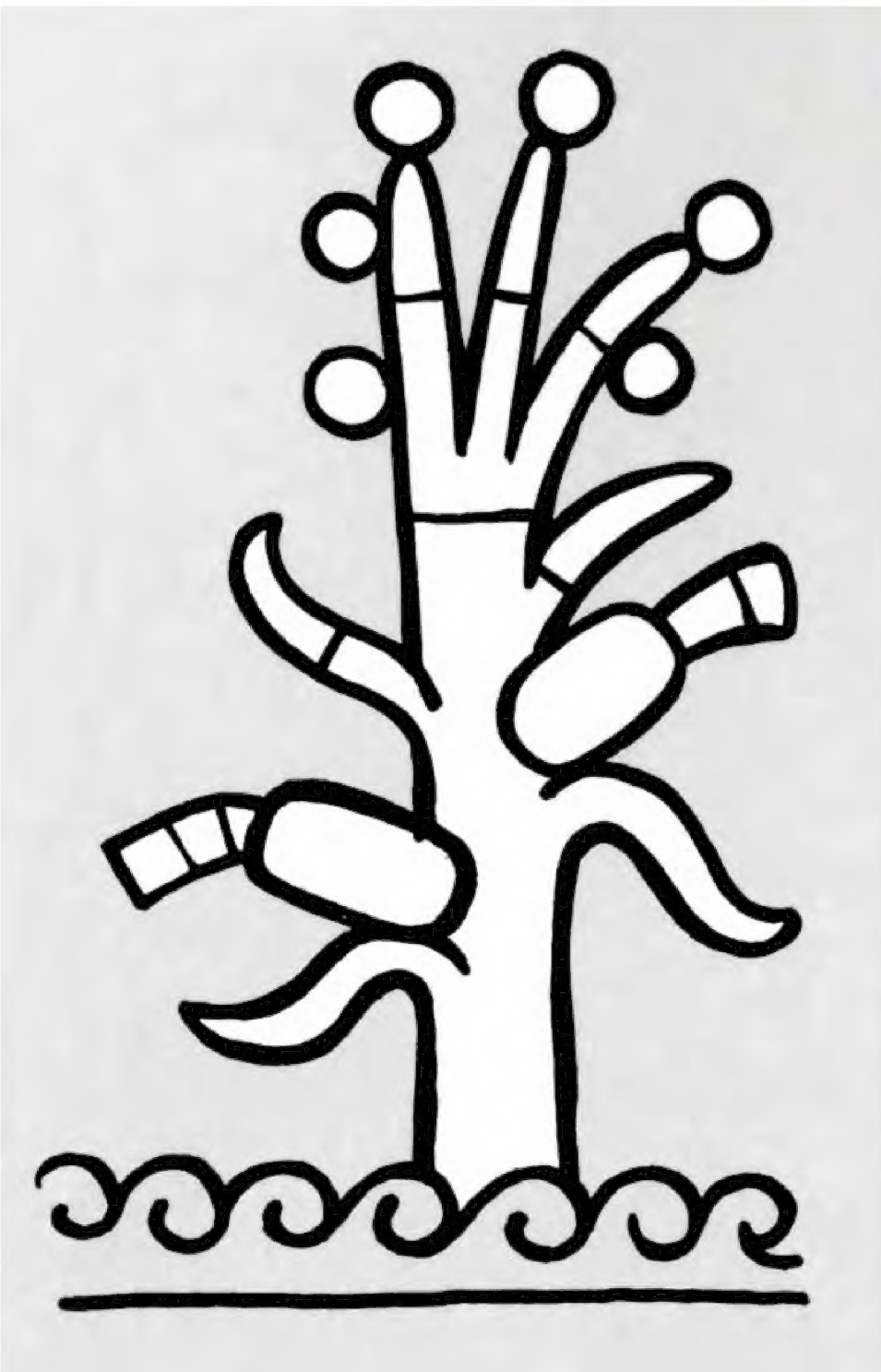
Sin embargo, esta notable obra biotecnológica no fue reconocida por los europeos cuando invadieron y colonizaron a las Américas. La visión no podía concebir que los humanos hubieran cambiado al mundo, haciendo surgir especies y formas nuevas útiles y productivas, y mucho menos que paisajes completos fueran el resultado de esta actividad humana. Para los europeos, las plantas eran resultado de la creación divina junto con los paisajes, entes inamovibles desde el momento de la creación. Los europeos tomaron a las plantas ya domesticadas y seleccionadas, las movieron y adaptaron a sus necesidades locales, olvidándose del resto de la milpa y su agroecosistema. Transcurrieron varios siglos hasta que a principios del siglo XX, el trabajo de botánicos y agrónomos como el soviético Nikolai Vavilov y de notables botánicos y agrónomos mexicanos (entre los que debemos citar el trabajo de Efraín Hernández Xolocotzi) así como de otros países, comenzaron a revelar la labor asombrosa de biotecnología que llevaron a cabo los antiguos mexicanos, quienes poco a poco habían ido seleccionando, durante miles de años, una diversidad brutal de formas y funciones en diferentes plantas y sus bacterias.

En este número especial celebramos la biodiversidad artificial y natural de México, un verdadero regalo de nuestros ancestros al mundo. Recientemente se está desarrollando investigación de primera línea para conocer mejor a la milpa. Existen diferentes estudios que están organizados de manera más o menos informal alrededor de un vigoroso proyecto liderado por el Dr. Daniel Piñero (investigador fundador de nuestro Instituto) con apoyo del CONACYT y la CONABIO, y también se están realizando esfuerzos independientes en la UNAM y otros centros de México. En dichos estudios se conjuntan detallados muestreos por todo el país, así como una cuidadosa investigación botánica, ecología y etnobotánica, utilizando los métodos genómicos más modernos.

En primer lugar, dentro de esta excelente colección tenemos una descripción de la diversidad de milpas que hay en México, hecha por Mahelet Lozada y colaboradores de la CONABIO. En ella se analizan los diferentes productos que se van obteniendo de nuestras milpas a lo largo del año, la diversidad de ambientes en los que se desarrollan, y los procesos evolutivos y antropogénicos que actualmente siguen modelando su diversidad vegetal. No descuidan la descripción de los distintos componentes de estos complejos ecosistemas, especialmente de sus polinizadores.

El corazón de la milpa son los diferentes tipos, razas y variedades del maíz, y éste ha sido uno de los logros más importantes de

los antiguos mexicanos: ¿cómo fue que modificaron al teosinte, un pasto anual que no se parece en nada al maíz actual, y que además no sirve de alimento porque produce semillas duras y pequeñas, convirtiéndolo en el maíz que todos conocemos? El teosinte no sólo es diferente morfológica y alimenticiamente, sino que toda su arquitectura, fenología (ciclo biológico) y adaptación al clima, se ha modificado por la selección artificial que hicieron los antiguos mexicanos. El teosinte ha sido motivo de cuidadosos estudios, y Jonás Aguirre Liguori, alumno de doctorado de nuestro Instituto, nos platica sobre el trabajo que está realizando para entender su biología evolutiva y adaptación. Este será el primer paso para comprender finamente el proceso de domesticación y adaptación del maíz, y será además una herramienta fundamental para conservar mejor nuestros recursos genéticos. Jonás expone los avances e ideas que se han generado recientemente, utilizando modernos estudios genéticos y genómicos que permiten entender el proceso de domesticación del maíz. También menciona algunos resultados sobre la adaptación local en el teosinte, y cómo esta información puede contribuir en el futuro al mejoramiento del maíz cultivado, especialmente frente a escenarios de cambio climático.



Códice Laud. Imagen: C. Loyola Blanco. Proyectos CONABIO FX004:2007-2009 y COFUPRO-2015

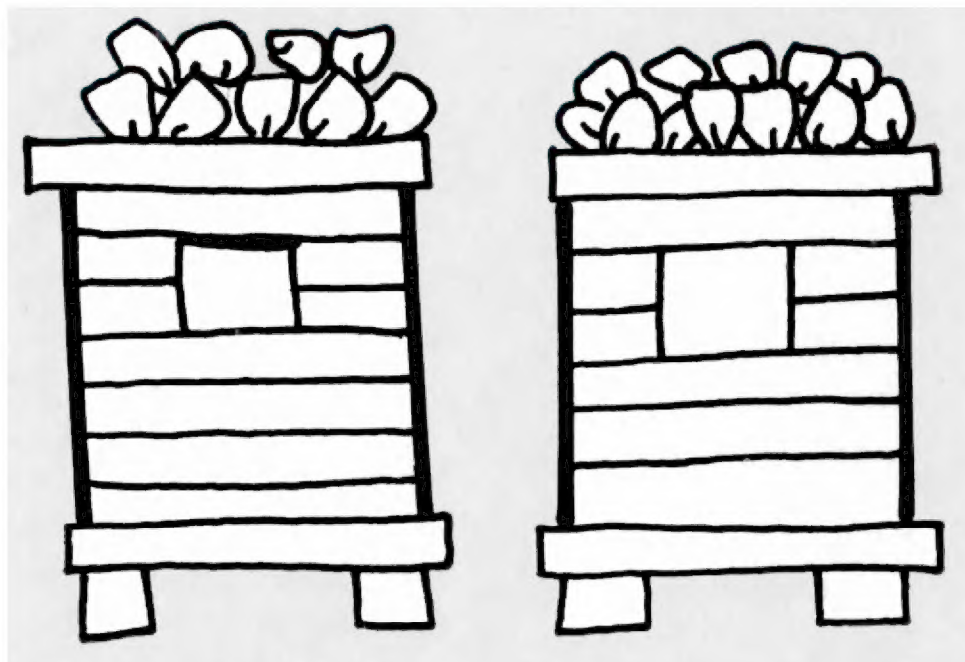


Imagen: C. Loyola Blanco. Proyectos CONABIO FX004:2007-2009 y COFUPRO-2015

Es posible que las calabazas hayan sido de las primeras especies que se domesticaron por los antiguos mexicanos, ya que México, comparado con el resto del mundo, es el país donde existen más calabazas silvestres, y hay cuando menos cuatro especies que fueron domesticadas de manera independiente en nuestro territorio. Además, los restos arqueológicos en cuevas mexicanas indican que los humanos las consumieron y seleccionaron hace unos 8 mil años. Guillermo Sánchez de la Vega, también alumno de doctorado del Instituto, describe estas exploraciones arqueológicas al mismo tiempo que nos platica de la diversidad de especies, usos y ecología de las calabazas, tanto silvestres como cultivadas, y de los diferentes estudios en los que participa junto con el Rafael Lira de la FES-Iztacala, UNAM y su director de tesis (Luis E. Eguiarte, Instituto de Ecología, UNAM). Los estudios permitirán analizar los recursos genéticos y la domesticación de este grupo de especies, que en México es muy pobremente conocido, comparado con el maíz y los frijoles.

El Dr. Daniel Piñero inició como investigador en diversidad de frijoles en México en la década de 1980. Esta línea de investigación actualmente se ha revitalizado con el uso de nuevos métodos de secuenciación. Su alumna de doctorado, Azalea Guerra García, describe la diversidad de especies del género del frijol (*Phaseolus*), sus eventos de domesticación en México y los avances recientes de esta investigación. Por ejemplo, se ha documentado con nuevos métodos genómicos que el frijol común, *Phaseolus vulgaris*, fue domesticado de manera independiente una vez en el Centro de México y otra vez en los Andes. Azalea revisa los cambios genómicos que se han encontrado en estas dos domesticaciones independientes, en las que se obtuvieron plantas y frijoles que son similares, pero los análisis demuestran que han atravesado caminos genéticos diferentes. También expone avances en el estudio genómico de la diversidad de otra especie del género *Phaseolus*, el ayocote *P. coccineus*.

Otro elemento de la milpa, central para la identidad nacional, es el representado por los chiles. Lev Jardón fue alumno de doctorado de nuestro Instituto, y actualmente es investigador

del CEIICH de la UNAM. Lev nos presenta aspectos de la biología del género *Capsicum*, así como de la diversidad y ecología de los chiles de México. Hace descripciones de sus sabores y características, tanto de las formas domesticadas como de las picosísimas poblaciones silvestres que se encuentran en el país, y de cómo esta diversidad permite evaluar las ideas de Vavilov y el proceso activo de selección artificial, al mismo tiempo que se documenta la adaptación local. Por último, Lev discute los últimos avances genómicos en el estudio del género y describe el proyecto de investigación que él coordina, en el cual se están analizando los recursos genéticos y la diversidad de usos del chile, incluyendo a *Capsicum annuum* (pimiento) en el estado de Oaxaca.

Además de las plantas mencionadas que todos conocemos, en la milpa coexisten una amplia diversidad de otras plantas de muchas familias, usualmente anuales, que la gente tolera, fomenta y utiliza, y que se denominan plantas arvenses, las cuales incluyen entre otras muchas especies a los llamados quelites, al epazote, y una infinidad de especies menos conocidas. Estas plantas tienen diferentes usos y funciones alimenticias, por ejemplo, como condimento o decorativas, medicinales y para control de plagas. Beatriz Rendón-Aguilar (alumna de doctorado de este Instituto y actualmente investigadora de la UAM-Iztapalapa), y sus colaboradores nos platican de la compleja diversidad de arvenses que tenemos en México. Detallan minuciosamente los pormenores de una de estas plantas con la que han trabajado muchos años: el caso de los alaches, *Anoda cristata*, una malvácea que es utilizada en diferentes platillos tradicionales.

Este número de *Oikos*= concluye con una reflexión sobre el potencial de la genómica y su uso en el estudio de los recursos genéticos del país, que nos presenta uno de los jóvenes investigadores de nuestro Instituto, Luis David Alcaraz. En este ensayo se describe cómo han avanzado los métodos genómicos, incluyendo una discusión sobre a quién pertenecen los recursos genéticos, y se explora la increíble diversidad que tienen los genomas microbianos, con miles de adaptaciones y genes novedosos que representan posibles aplicaciones médicas, agronómicas y biotecnológicas. Esta riqueza en recursos genómicos se puede estudiar utilizando estrategias que conjuntan métodos moleculares de frontera con análisis estadísticos novedosos, los llamados estudios metagenómicos, donde se secuencia todo el ADN de una comunidad, y con estos datos se puede inferir el funcionamiento ecosistémico de un ambiente, por ejemplo el del suelo de la milpa.

México como el país biodiverso que es, debe desarrollar un papel más protagónico, agresivo y práctico para avanzar de manera clara en el estudio y la utilización de nuestros recursos genéticos a todos los niveles (genes, genomas y metagenomas de plantas, hongos, bacterias y animales), especialmente los que fueron modelados por nuestros ancestros. Este número de *Oikos*= ilustra la ciencia alrededor de una pequeña muestra de la increíble diversidad biológica y cultural de México, país que nos ha dado este tesoro biológico que es la milpa, así como la extraordinaria diversidad de recursos genéticos que tenemos. Los ensayos que se presentan en este número son un ejemplo del esfuerzo de jóvenes investigadores que utilizan modernos métodos genómicos, además de conceptos de ecología de frontera y una nueva perspectiva para documentar, estudiar y conservar estos recursos.

Indudablemente, México como país debe de tomar más seriamente esta misión y hacer un esfuerzo extraordinario y formal por conservar de manera activa los recursos genéticos que están guardados en las milpas modernas. Este conocimiento representa un tema legítimo de seguridad nacional, que puede significar para México mayor seguridad alimentaria, y podría posicionarnos como líderes en biotecnología moderna a nivel mundial. Se necesita desarrollar programas de investigación y de conservación genética *in situ* y *ex situ* que se enfoquen en conservar las prácticas y diversidad de estos cultivos de manera eficiente y sin trabas.

En pocas palabras: la milpa es uno de los grandes logros tecnológicos de la humanidad, resultado de un uso y manejo genial de la biodiversidad, gracias al trabajo de los antiguos mexicanos. El reto y mandato de los científicos de nuestro país es estar a la altura de nuestros ancestros y hacer útil esta diversidad, adaptaciones y conocimiento para toda la humanidad. Sirva este *Oikos*= como un catálogo de dicho compromiso, ilustrado por los esfuerzos de jóvenes investigadores nacionales en este tema. Quizá en la ancestral milpa se esconde el futuro de la sostenibilidad alimenticia.

Ofrenda de maíz. Códice Florentino. Imagen: C. Loyola Blanco. Proyectos CONABIO FX004:2007-2009 y COFUPRO-2015

Artículo

Las milpas de México

Mahelet Lozada-Aranda, Idalia Rojas Barrera, Alicia Mastretta Yanes, Alejandro Ponce-Mendoza, Caroline Burgeff, M. Andrea Orjuela-R. y Oswaldo Oliveros Galindo

México es el centro de domesticación y diversificación de muchas plantas que son importantes en todo el mundo. Este proceso se ha desarrollado en diversos sistemas agrícolas tradicionales, y uno de los más conocidos es la *milpa*, cuyo nombre proviene del náhuatl *milpan*, compuesto a su vez por los vocablos náhuatl *milli* que significa "parcela sembrada" y *pan* "encima de".

La milpa (Figura 1) es un agroecosistema que surgió en Mesoamérica y posteriormente se expandió al resto de México y Sudamérica, se caracteriza por ser un policultivo, en el que además de la siembra de maíz, se asocian otras especies domesticadas como los frijoles, las calabazas, los chiles, los tomates, y otras tantas semi-domesticadas, como los quelites, los cuales crecen dentro del sistema de forma natural y el ser humano los ha manejado y protegido con esta forma de sembrado.

Figura 1. Milpa cercana al Nevado de Toluca, con maíz, frijol ayocote y calabazas. Fotografía: Alicia Mastretta.

La diversidad de cultivos dentro de la milpa depende de cada región, no sólo por el clima, pendiente y suelo, sino por el grupo humano asociado a ella, que de acuerdo a sus necesidades, saberes y tradiciones, le ha impreso un sello distintivo. Es decir, la composición y estructura de las milpas en la península de Yucatán, es diferente a las presentes en la Sierra Tarahumara en Chihuahua o a las del Centro de México. Por lo anterior, se puede decir con seguridad que en México no existe una sola milpa, sino muchas milpas.

Durante varios meses al año se producen alimentos en la milpa (Figura 2). Poco tiempo después de ser sembrada, las flores masculinas de la calabaza estarán disponibles para consumir, así como diferentes tipos de quelites, posteriormente están listos los elotes y frijoles tiernos, y finalmente los granos maduros de frijol y maíz. En el sureste mexicano, en ocasiones, cuando se supondría que la milpa se encuentra en descanso, ésta sigue produciendo recursos como tubérculos (camotes, yuca) que son rescatados para complementar la alimentación. Dependiendo de la región, también existen milpas con árboles frutales, como el aguacate, la papaya o la guayaba.

Desde la época prehispánica, el uso de la milpa se ha extendido en todo México y Sudamérica, el agroecosistema fue adaptándose a diferentes condiciones ambientales, que van desde el nivel del mar hasta más de 3,000 metros de altitud. Las plantas que se cultivaron se adecuaron a dichas condiciones gracias al trabajo recurrente de los agricultores, que durante años han seleccionado semillas y experimentado con ellas durante cada ciclo. Esta selección se basa no sólo en términos de producción, sino también de crecimiento de la planta, su capacidad de adaptación, el uso que se le da a los diferentes productos, en la preparación de alimentos que las utilizan, su empleo en las festividades, entre otros; es decir, en aquellos atributos que el grupo étnico considera importantes para ellos.

Figura 2. Productos de la milpa de Oaxaca. Fotografía: Mahelet Lozada.

Los agricultores, tanto hombres como mujeres, participan en la dispersión de las semillas a nuevos sitios, pues intercambiar semillas entre distintos grupos humanos es una práctica común. El intercambio puede darse dentro de la misma comunidad a pocos kilómetros, o traspasar grandes regiones, como puede ser el caso de jornaleros campesinos, que viajan de un estado a otro transportando semillas.

Muchas especies cultivadas en la milpa tienen parientes silvestres con los que se pueden cruzar, y por ende desarrollar "formas intermedias" derivadas de estas cruzas, con las cuales el agricultor puede continuar seleccionando las características que le son favorables. Esta acción permite que el proceso de domesticación se mantenga vigente aún en nuestros días. Es decir, que la evolución de los cultivos bajo domesticación sigue ocurriendo de manera continua en las milpas de México y Mesoamérica.

La riqueza de la milpa va más allá de los recursos que nos ofrecen, pues también son relevantes las interacciones que ocurren entre todos sus componentes. De estas interacciones, por ejemplo, el papel de los insectos benéficos ha sido subestimado y poco estudiado, quizá porque concebimos a los insectos como seres de aspecto poco agraciado y asociados a la destrucción de los alimentos. Sin embargo, estos habitantes o visitantes de la milpa brindan servicios como la polinización y el control de plagas (Figura 3), pues cuando una planta de maíz es atacada por un insecto, ésta es capaz de producir compuestos que se esparcen con el viento y que atraen a los predadores naturales de las plagas. La milpa a su vez, al ser un policultivo, brinda alimento (polen y néctar) y refugio que no siempre están presentes en los sistemas intensivos de siembra (monocultivos). En este contexto, la resistencia a plagas del maíz y demás plantas comestibles, no depende únicamente de mecanismos individuales, sino de las interacciones que ocurren entre los miembros de la milpa. Sin embargo, estos mecanismos son menos eficientes o no ocurren en los monocultivos, y por ende el riesgo de que se establezca un grupo de insectos que se convierta en plaga, es mayor.

Si bien la milpa no tiene la misma productividad que un sistema intensivo, provee otros servicios al ambiente y al campesino que deben considerarse. En lugares en donde los bosques o selvas han sido desplazados por la actividad humana, la milpa es refugio de especies benéficas como las abejas. Este beneficio se ha asociado a la presencia de plantas con flores que son polinizadas por abejas, como el frijol y la calabaza. La milpa nos

Figura 3. Escarabajo en planta joven de maíz en Tlaltizapán, Morelos. Fotografía: Idalia Rojas.

Biocultural: es una compilación que relaciona la lengua, el conocimiento y el ambiente.

muestra que la coexistencia brinda beneficios y sacrificios, y si los primeros son más recurrentes que los últimos, vale la pena conservar estos lazos de convivencia.

Por otro lado, las milpas representan parte importante en la cocina tradicional mexicana y sigue siendo la base de la soberanía alimentaria en muchas regiones de México. Son además un patrimonio cultural y biológico de enorme valor, dado que al conservarlas se conservan también los recursos naturales y la diversidad que existe en ellas (agrobiodiversidad). Al mismo tiempo, contribuyen a custodiar el conocimiento de muchísimas generaciones de agricultores de distintos pueblos.

Todas las mujeres y hombres que participan de forma directa e indirecta en sistemas como la milpa juegan un papel fundamental en su mantenimiento y diversificación. Gracias a los procesos bioculturales asociados al manejo de este sistema, es que se fomenta un intercambio y enriquecimiento genético. Este último es relevante y positivo para la continua adaptación de los cultivos al entorno, y también para los diferentes usos que el ser humano puede ir dando a las plantas que se manejan en este agroecosistema. La milpa es una herencia de México para el mundo.

Mahelet Lozada-Aranda. Especialista del proyecto *Acciones Complementarias* al PROMAC, CONABIO. Amante de la diversidad biológica, con un fuerte interés por el estudio, manejo y conservación de la agrobiodiversidad que conduzcan al bienestar de las comunidades rurales y urbanas. mahelet.lozada@conabio.gob.mx

Idalia Rojas Barrera. Estudiante de doctorado en el Posgrado en Ciencias Bioquímicas, interesada en el estudio, conservación y aprovechamiento de recursos genéticos que se encuentran en vías o bajo domesticación.

Alicia Mastretta Yanes. Bióloga egresada de la UNAM; obtuvo su doctorado en Biología Evolutiva en la University of East Anglia, Inglaterra. Del 2007 al 2010 trabajó en proyectos de manejo sustentable de recursos naturales. Actualmente es catedrática CONACYT asignada a CONABIO, donde estudia la genómica y evolución de las plantas cultivadas de México.

Alejandro Ponce-Mendoza. Subcoordinador del proyecto *Acciones Complementarias al Programa de Maíz Criollo* en la CONABIO. Siente gran interés por la Ecología Numérica y es miembro del SNI nivel 1. Es un gran admirador de T. Bernhard y realiza *touring bike* dentro y fuera de México.

Caroline Burgeff. Ingeniera agrónoma egresada de la FSAGX, Bélgica; obtuvo su doctorado en Ciencias Biomédicas en la UNAM. Trabaja en CONABIO desde hace ocho años en temas de bioseguridad, recursos genéticos y agrobiodiversidad.

M. Andrea Orjuela-R. Bióloga M en C en el área de Biodiversidad y Conservación de la Universidad Nacional de Colombia. Especialista en análisis de riesgo y bioseguridad de OGM, y en recursos genéticos para la CONABIO.

Oswaldo Oliveros Galindo. Biólogo egresado de la UNAM, botánico, actualmente labora en la CONABIO en temas de bioseguridad, recursos genéticos y agrobiodiversidad.

Para saber más

- CONABIO. La milpa
- CONABIO. Alimentos
- De la Paz, S. 2008. *Diversidad de insectos en maíz y teocintle y efecto de factores agroclimáticos en plagas rizófagas en México*. Universidad de Guadalajara. Zapopán, Jalisco.
- López, J. 2014. *Diversidad de abejas* (Hymenoptera: Apoidea) *asociadas a milpas en paisajes con diferentes niveles de antropización*. Colegio de la Frontera Sur. San Cristobal de las Casas, Chiapas.
- Santillán, M.L. 2014. La milpa, tradición milenaria de agricultura familiar. Consultado 25 de agosto, 2016.

Artículo

De la milpa a la mesa: maíz, esquites y más...

Jonás Andrés Aguirre-Liguori

"Sin Maíz, no hay país" fue una famosa campaña nacional que se lanzó en 2007 con el objetivo de demandar al gobierno mexicano una mayor atención al campo nacional. Como el lema lo señala, el maíz es la principal fuente de alimento vegetal en México, y la producción anual de los últimos años ha sido de alrededor de 23 millones de toneladas. Además de ser una fuente importante de ingresos económicos, este cereal también refleja parte de la riqueza cultural y gastronómica mexicana. Se han descrito alrededor de 220 razas de maíz a nivel mundial, y en nuestro país se encuentran 64 (CONABIO), las cuales están asociadas a la diversidad de ambientes en las que crecen, a la diversidad gastronómica de distintas regiones y a las necesidades locales de la gente. Aunque existen muchos textos que muestran su importancia en términos culturales y económicos, en éste haré énfasis en la importancia científica del estudio del maíz y de las subespecies silvestres. Estas plantas brindan una oportunidad ideal para realizar estudios de biología evolutiva por su gran diversidad genética y cortos tiempos generacionales, por su domesticación a partir de ancestros silvestres, por su gran diversidad fenotípica y ecológica, y por el vasto desarrollo de marcadores moleculares en maíz. Particularmente, la investigación con maíces ha permitido entender distintos procesos evolutivos, así como estudiar las bases genéticas y genómicas de la adaptación. Los modelos que se derivan de este tipo de estudios son fundamentales, ya que nos permiten proponer estrategias de conservación en un escenario de cambio climático.

Biológicamente... ¿qué es el maíz?

Al igual que muchas de las especies de plantas domesticadas más importantes para el humano, los maíces son pastos que pertenecen a la familia Poaceae. Su nombre científico es *Zea mays*, y es una especie que se compone de cuatro subespecies: una domesticada y tres silvestres, llamadas coloquialmente teosintes. *Zea mays* subespecie *mays*, la especie domesticada, se cultiva en México y otras partes del mundo en una gran variedad de ambientes y suelos. *Zea mays* subespecie *parviglumis* y *Zea mays* subespecie *mexicana*, son los teosintes mexicanos. *Z. m. parviglumis* crece en tierras bajas, caliente y húmedas en la región del Balsas, Jalisco y Oaxaca, mientras que *Z. m. mexicana* crece en tierras altas, frías y húmedas en suelos volcánicos del centro del país. La distribución geográfica de ambas se sobrelapa en regiones muy limitadas, por lo que se ha sugerido que la principal barrera entre las dos subespecies es la adaptación a distintas condiciones climáticas. Finalmente, *Zea mays* subespecie *huehuetenangensis* crece exclusivamente en Guatemala y su distribución es muy limitada. Todas las subespecies de *Zea mays* son anuales, lo que significa que su ciclo de vida dura un año —tiempo en el que nacen, crecen, se reproducen y se mueren— y son **monoicas**. Finalmente, su polinización es por viento. Por sus ciclos anuales, grandes tamaños poblacionales y alto potencial de entre-cruzamiento, los maíces generalmente presentan muy alta diversidad genética.

Domesticación y mejoramiento del maíz

El maíz se caracteriza por ser muy diverso morfológicamente (Figura 1), crece en ambientes contrastantes y a lo largo de todo el mundo. Debido a esta gran diversidad, por mucho tiempo fue complicado entender si se domesticó en uno o varios eventos, así como saber en dónde ocurrió esta domesticación, y a partir de qué especie o especies fue domesticado (Kato y sus coautores hacen un recuento detallado sobre lo que hoy se sabe sobre la domesticación en el libro *Origen y diversificación del maíz: una revisión analítica*). Fue hasta el 2002, con el uso de muchos marcadores moleculares (específicamente 93 microsatélites y 264 accesiones de maíz y teosintes), que Matsuoka y colaboradores encontraron que los maíces domesticados eran genéticamente más parecidos a *Z. m. parviglumis*, confirmando así que hubo un solo evento de domesticación y que posiblemente ocurrió en el estado de Oaxaca. Así mismo, este grupo determinó que se domesticó hace aproximadamente 9,000 años. La domesticación del maíz fue un proceso de selección artificial muy intensa, que generó un **cuello de botella** muy fuerte (Figura 2). Los cambios

Figura 1. Ejemplos de diversidad morfológica en mazorcas de maíz. Fotografía: Carmen Loyola Blanco.

morfológicos más evidentes de la domesticación (Figura 3) son: 1. pérdida de la ramificación de la parte vegetativa; 2. crecimiento de la mazorca en tamaño y cantidades de hileras, incremento del almidón y suavidad de la semilla y 3. pérdida de la capacidad de liberar las semillas naturalmente, y por lo tanto dependiente de la intervención humana para germinar.

Los datos arqueológicos y genéticos sugieren que la domesticación ocurrió en tierras bajas (<1000 m), pero los maíces más ancestrales crecen en tierras altas (>1500 m), lo que por mucho tiempo generó gran confusión. Sin embargo, con el desarrollo de los estudios genómicos van Heerwaarden y colaboradores, en el 2012, encontraron que los maíces colonizaron rápidamente las tierras altas de México. Esto significa que en esta transición, los maíces se adaptaron a condiciones frías, secas y de menor iluminación. Este evento de adaptación es particularmente interesante en términos evolutivos, ya que ocurrió por el flujo de genes adaptativos de *Z. m. mexicana* a tierras altas hacia el maíz domesticado. En particular, al comparar los teosintes de tierras altas y los maíces más antiguos y menos derivados, Hufford y colaboradores reportaron en 2013 que en el genoma del maíz existen regiones que provienen de teosinte, las cuales contienen genes que confieren adaptación a mayor altitud. Por ejemplo, hay genes que codifican para la producción de antocianinas que están asociados a menor temperatura y cambios en las condiciones de radicación ultravioleta. Así mismo, encontraron que las regiones que se han asociado con la domesticación no han sido afectadas por este intercambio de genes, lo cual sugiere que siempre ha habido una intensa selección artificial, que se ha hecho con el objetivo de mantener "los rasgos de maíz", pero buscando la adaptación climática de los teosintes. De esta manera, los maíces de tierras altas diversificaron y fueron mejorados por una intensa selección artificial, con lo cual se obtuvo la gran variedad de formas y grupos adaptados a ambientes que existen actualmente. Se reconocen dos eventos importantes de diversificación. El primero corresponde a maíces que fueron habitando hacia el norte de México y Estados Unidos, y el segundo para los que lo hicieron hacia el sur de México y subsecuentemente al Caribe, centro América y sur de América.

Se han hecho muchos estudios de genómica para saber cuáles son los genes asociados con la domesticación y con el mejoramiento. Estos estudios han aportado mucho a la ecología evolutiva, ya que ayudan a entender el efecto que puede tener una selección muy intensa sobre el genoma, así como las bases genéticas de la adaptación (para saber más ver *Comparative population genomics of maize domestication and improvement* de Hufford y coautores). Un estudio posterior de Hufford y colaboradores, publicado en *PLoS Genetics* (*The genomic signature of crop-wild introgression in maize*), mostró la importancia que tiene el intercambio de genes adaptativos de una especie a otra. Esto es interesante, porque muestra que el flujo genético entre subespecies puede incrementar la diversidad genética, pero sobre todo introducir nuevas características genéticas que amplían el rango ecológico de una especie. Finalmente, los análisis de genes han sido fundamentales para entender mejor los procesos genéticos y de desarrollo, que contribuyen a generar tanta diversidad morfológica en maíces y su gran adaptación al ambiente.

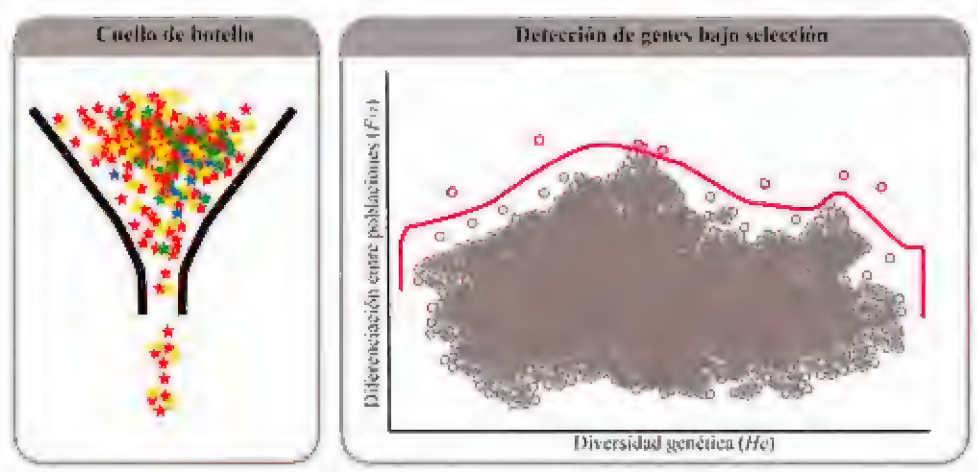


Figura 2. Durante un cuello de botella, hay pérdida de diversidad. En este caso las estrellas reflejan distintos genotipos. Después del cuello de botella se ve que los genotipos verdes y azules se perdieron de la población. En el caso de la detección de genes bajo selección se basa en identificar genes que tienen una distribución por encima del 95% de confianza (línea roja). Los círculos grises son neutrales y evolucionan de acuerdo al flujo genético y tamaño poblacional. Los círculos rojos son genes candidatos a estar bajo selección y presentan valores de F_{ST} y *He* inusuales, probablemente indicando que la selección generó ese patrón. Imágenes: Jonás Andrés Aguirre-Liguori.

Adaptación local

Como lo mencionamos anteriormente, los maíces y teosintes tienen una gran capacidad para adaptarse a ambientes diversos. Esto, como se ha explicado, se debe principalmente a que cuentan con una gran diversidad genética, generaciones cortas y sus poblaciones son grandes. Es por esta versatilidad adaptativa que diversos autores han estudiado ampliamente a los maíces silvestres y domesticados, ya que estas especies son un buen modelo para entender cómo ocurre la adaptación local, y los resultados de esos reportes han sido muy importantes para comprender las bases genéticas y ecológicas de la adaptación. A raíz de estudios de genómica de poblaciones, se ha encontrado que hay muchas señales de selección en los genomas de teosintes y maíces (Figura 2). Algo muy interesante, desde el punto de vista genético, es que muchas de estas señales selectivas se encuentran localizadas en inversiones cromosómicas. Dado que en las inversiones cromosómicas no ocurre recombinación, son regiones en las que no ocurre intercambio de genes entre poblaciones que presentan la inversión y aquellas que no. Por lo tanto, estas inversiones pueden acumular genes adaptativos a condiciones locales, y evitar que por flujo genético entren genes mal adaptados a las poblaciones.

En un trabajo reciente, Aguirre-Liguori y colaboradores analizamos la distribución de teosintes en diferentes condiciones ecológicas e identificamos la adaptación local. Encontramos que las poblaciones que crecen en zonas con características que son menos adecuadas (las poblaciones más frías o más calientes y las poblaciones más secas) para la especie contienen mayores señales de adaptación local, que aquellas que crecen en ambientes más adecuados. En otras palabras, descubrimos que las poblaciones de teosinte se están adaptando al límite de su distribución ecológica, por lo que existe el potencial de que surjan nuevos grupos ecológicos, lo que eventualmente podría promover el origen de nuevas subespecies o especies. Algo importante de recalcar sobre el estudio es su aportación práctica, ya que muestra que poblaciones limítrofes podrían estar preadaptadas a ciertas combinaciones climáticas. Por ejemplo, encontramos que las poblaciones más calientes de *parviglumis*, que se encuentran en Guerrero, tienen fuertes señales de selección. En un escenario de cambio climático, estas poblaciones de teosintes adaptadas a mayor temperatura y menor precipitación podrían ser fundamentales para conservar a otras poblaciones de teosintes. Como mencionamos en la sección anterior, el flujo genético entre poblaciones de teosintes y maíz permitió que las poblaciones de maíz se adaptaran a nuevos ambientes. Siguien-

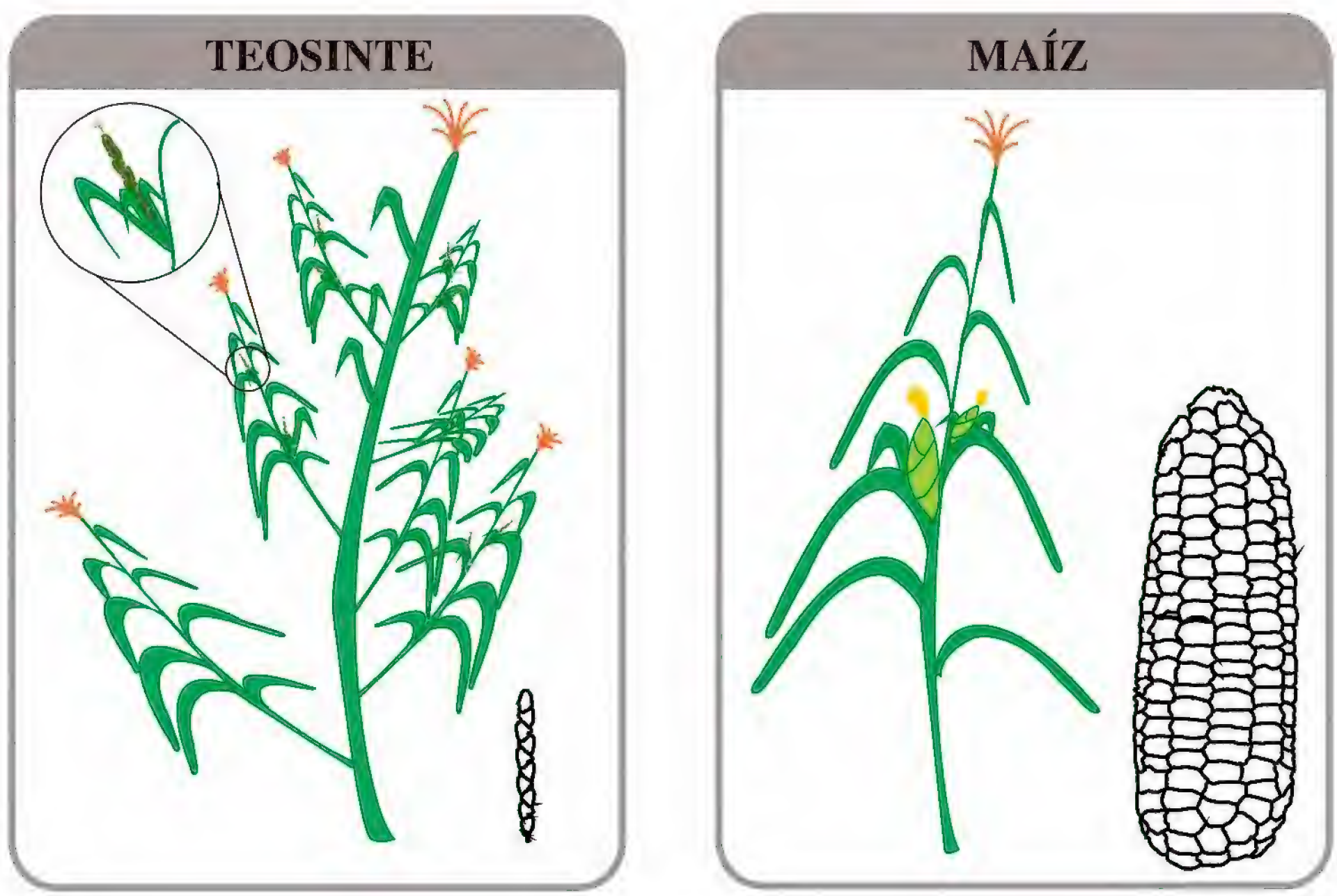


Figura 3. Comparación morfológica entre el teosinte y maíz. Durante la domesticación aumentó el tamaño dela mazorca y el número de hileras que tienen granos. Además, la parte vegetativa dejó de ramificar. Imagen: Jonás Andrés Aguirre-Liguori.

CONCEPTO	DEFINICIÓN
Cuello de botella	Reducción en el tamaño efectivo poblacional, lo cual disminuye la diversidad genética de las poblaciones e intensifica la deriva genética (Figura 2)
Planta monoica	Especies de plantas que tienen los órganos reproductivos femeninos y masculinos en el mismo individuo, pero en estructuras separadas
Inversión cromosómica	Regiones extensas del genoma que se han dado la vuelta. Dado que no se pueden alinear regiones no homólogas, entonces no ocurre la recombinación, ni el flujo genético, entre poblaciones que tienen y no tienen la inversión
Señal de selección	Utilizando métodos estadísticos es posible caracterizar la diferenciación genética (F_{ST}) esperada en las poblaciones por neutralidad. Aquellas regiones que tienen mucha mayor diferenciación se considera que han ocurrido por selección divergente. (Figura 2)

do esta lógica, es intuitivo pensar que si existen poblaciones que contienen genes que les confieren pre-adaptación al cambio climático, entonces por flujo genético, debería de ser posible introducir estos genes en poblaciones no adaptadas al calor y la sequía, tanto de teosintes (para su conservación) y maíz (para su mejoramiento). Algo atractivo de esta propuesta es que el mejoramiento o rescate genético de maíces y teosintes se podría lograr simplemente promoviendo cruzas de maíces con teosinte, siguiendo estrategias agrícolas tradicionales de mejoramiento y evitando así el uso de los polémicos transgénicos. Así mismo, al contrario de los maíces transgénicos, permitiría incrementar la diversidad biológica y genética.

Conclusión

El maíz es un cereal fundamental para el bienestar humano, y particularmente para México y es por ello que actualmente es una de las plantas más estudiadas en el mundo. Este ensayo, además de presentar brevemente los avances en la investigación del maíz, muestra que el maíz también es un modelo interesante para entender procesos de ecología evolutiva, ya que nos ayuda a entender cómo ocurre la selección natural en el genoma, las bases genéticas de las adaptaciones y los procesos ecológicos de adaptación local. Lo interesante es que todos estos datos contribuyen a entender cómo se adaptan las poblaciones a los efectos del cambio climático, y aportan información invaluable que, en el futuro, nos permitirá mitigar sus efectos sobre el maíz, utilizando aproximaciones similares sobre otros cultivos y especies no cultivables.

Agradecimientos

El presente trabajo fue posible gracias al apoyo de CONACYT (CB2011/167826), SEP-CONACYT-ANUIES-ECOS France (M12-A03) y UC MEXUS-CONACYT (CN-10-393). También agradezco la beca otorgada por CONACYT (Número de becario 255770). Finalmente, Maud Tenaillon, Brandon Gaut, Juan Pablo Jaramillo y Luis Eguiarte, merecen una mención especial por todo el apoyo e ideas que me han brindado.

Jonás Andrés Aguirre-Liguori. Estudió la licenciatura en Biología en la Universidad Nacional Autónoma de México. Realizó su tesis de licenciatura en el Laboratorio de Evolución Molecular y Experimental, donde analizó la filogeografía de una especie endémica de México. Actualmente cursa el doctorado en el mismo laboratorio, donde estudia la genómica de poblaciones de los maíces silvestres.

Para saber más

- Aguirre-Liguori J.A., Tenaillon M.I., Vázquez-Lobo A., *et al.* En revisión. *Connecting Genomic Patterns of Local Adaptation and Niche Suitability in Teosintes.*
- van Heerwaarden J., Doebley J., Briggs W.H. *et al.* 2011. Genetic Signals of Origin, Spread, and Introgression in a Large Sample of Maize Landraces. *Proceedings of the National Academy of Sciences,* 108: 1088-1092.
- Hufford M.B., Xu X., van Heerwaarden J., Pyhäjärvi T., *et al.* 2012. Comparative Population Genomics of Maize Domestication and Improvement. *Nature Genetics,* 44: 808–11.
- Hufford M.B., Lubinsky P., Pyhäjärvi T., *et al.* 2013. The Genomic Signature of Crop-wild Introgression in Maize. *PLoS Genetics* 9: e1003477. DOI:10.1371/journal.pgen.1003477.
- Kato T.A., Mapes C., Mera L.M., Serratos J.A. y R.A., Bye. 2009. *Origen y diversificación del maíz: una revisión analítica.* Mexico, D.F.: Universidad Nacional Autónoma de México, Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- Matsuoka Y., Vigouroux Y., Goodman M.M., Sanchez M.M., Buckler E. y J., Doebley. 2002. A Single Domestication for Maize Shown by Multilocus Microsatellite Genotyping. *Proceedings of the National Academy of Sciences,* 99: 6080-6084.

Artículo

De la cueva a la mesa, y ahora al laboratorio genómico: la diversidad de calabazas de México

Guillermo Sánchez de la Vega

Desde las cuevas

Durante miles de años las cuevas fueron refugio y hogar de diferentes grupos humanos en México y en el mundo. En las décadas de 1950 y 1960 se descubrieron vestigios arqueológicos en diferentes partes de nuestro país, con lo que fue posible entender cómo las tribus de cazadores-recolectores fueron cambiando sus costumbres y comenzaron a cultivar sus alimentos (domesticándose especies como las calabazas, el maíz y el frijol), evento que permitió que las tribus permanecieran en un solo lugar. Esto fue lo que dio inicio a la formación de los primeros asentamientos humanos.

Durante los últimos 60 años, investigadores como Richard S. Macneish y Kent Flannery han liderado trabajos multidisciplinarios en las cuevas de Tamaulipas, Tehuacán y Guilá Naquitz Oaxaca (Figura 1). Estas investigaciones revelaron el hallazgo de los restos más antiguos de plantas como la calabaza, maíz, frijol y guajes, entre otras especies, y también de algunos parientes silvestres de éstas. Lo anterior ha sido crucial para comprender el origen de la agricultura y la domesticación de las plantas que son la base de nuestra alimentación. La domesticación transformó la cultura y diferentes aspectos de la biología del ser humano, iniciando el camino hacia nuestro modo de vida moderno.

El hallazgo de restos de calabazas (semillas y fragmentos de fruto) en la cueva *Guilá Naquitz* en 1966 ha permitido determinar que la calabaza es la primera especie domesticada en nuestro continente, incluso varios miles de años antes que el maíz y el frijol. En esa cueva se encontraron restos de *Cucurbita pepo* de 8,000 a.C. Además existen registros de domesticación de otras calabazas de hasta 6,500 a.C., como los de *C. argyrosperma* (calabaza criolla) en el norte de Guerrero, y algunos otros, más tardíos y en menor número, de *C. moschata* y *C. ficifolia* en diferentes cuevas. La ausencia de registros de otras especies de calabazas en Oaxaca ha sido explicada debido a que

Figura 1. Entrada a la cueva de Guila Naquitz, Oaxaca. (Fotografía: Alejandro Linares Garcia CC BY-SA 4.0-3.0-2.5-2.0-1.0 vía *Wikipedia Commons*).

estas plantas no toleran las temperaturas frías y secas de esta región. Hasta ahora, con los datos que han podido obtenerse se sabe que las calabazas *C. pepo* aparecieron en las cuevas de la región de Oaxaca y la depresión del Balsas (8,000 a.C.) y después se desplazaron al norte pasando por Tehuacán (5,900 a.C.) y Tamaulipas (4,300 a.C.) hasta llegar al suroeste de Estados Unidos (1,500 a.C.).

Aunque las cuevas de Tamaulipas (Valenzuela y Romero), Tehuacán (Coxcatlán y San Marcos) y Oaxaca (Guilá Naquitz) solo representan tres puntos separados de un gran número de sitios posibles que podrían aportar información, en estos lugares

Figura 2. Calabazas de la región de Ures, Sonora. Fotografía: Guillermo Sánchez de la Vega.

se han encontrado los registros de domesticación más antiguos de los tres cultivos más importantes en Mesoámerica. Por esta razón la fama de las cuevas ha llegado incluso a nivel mundial: la cueva Guilá Naquitz, en conjunto con algunas otras cuevas en las inmedaciones de Mitla y Yagul, han sido incluídas en la categoría de Paisaje Cultural, dentro de la lista de patrimonios de la humanidad de la UNESCO desde 2010.

Llegando a la mesa

En Mesoamérica la agricultura se inició hace unos 10 mil años. Los primeros agricultores utilizaron plantas silvestres en sus cultivos, y conforme las fueron seleccionando, se generaron las especies domesticadas, las cuales resultan genética y morfológicamente distintas a sus parientes silvestres. La domesticación de la calabaza tomó unos 6 mil años, y tuvo que pasar todavía más tiempo para que los primeros asentamientos humanos se formaran. La dieta de estos asentamientos dependía principalmente del cultivo de diversas especies domesticadas. Hoy en día en México tenemos alrededor de 200 especies nativas en estado avanzado de domesticación, incluyendo algunas especies de plantas de importancia mundial tales como la calabaza, maíz, jitomate, frijol, chile, cacao, agaves, entre muchas otras.

Con el paso del tiempo, el manejo y cultivo de las calabazas se fue perfeccionando hasta predominar como medio de subsistencia. Así, por miles de años, las calabazas se han cultivado en casi todas las regiones agrícolas de México bajo el sistema tradicional de cultivo denominado *milpa*, y como consecuencia de ello los agricultores han logrado desarrollar una elevada diversidad genética (Figura 2). Por esta razón México es reconocido como el centro de origen, domesticación y diversidad de calabazas (Figura 3).

Como consecuencia de este manejo ancestral y actual, existen una gran cantidad de razas y variedades nativas de calabaza, que son nombradas de forma diferente de acuerdo al país o a la región de la que provienen: calabaza de castilla, de casco duro, calabacitas, arotas, criollas, mixtas, tamalayotas, pipianas, chompas, kaboshas y chilacayotes. Las cinco especies de calabazas han sido parte de la dieta de los pueblos de Latinoamérica y posteriormente de otras zonas del mundo, y hoy en día se utiliza prácticamente cada una de las partes de la planta, desde sus "guías" o brotes tiernos y flores, que son consumidos en diferentes guisos, también los frutos inmaduros que se usan como verdura, hasta los frutos maduros utilizados en postres y dulces; en la gastronomía mexicana, las semillas o pepitas (que son una fuente de proteínas que es posible almacenar por periodos prolongados de tiempo) se consumen crudas, tostadas y/o saladas, y son base de toda una gama de moles y pipianes; también cabe resaltar el uso de los frutos en forma de contenedores y artesanías, o aprovechados como forraje (Figura 4).

Las calabazas son plantas generalmente anuales y forman parte de la familia Cucurbitaceae, a la cual también pertenecen la sandía, el melón, el pepino, el chayote y el estropajo, entre unas 965 especies. Dentro de esta familia, las calabazas conforman al género *Cucurbita* que se reconoce como un grupo de plantas americano, que incluye a 20 especies de las cuales 15 crecen espontáneamente o se cultivan en México (Figura 5). Las especies de ca-

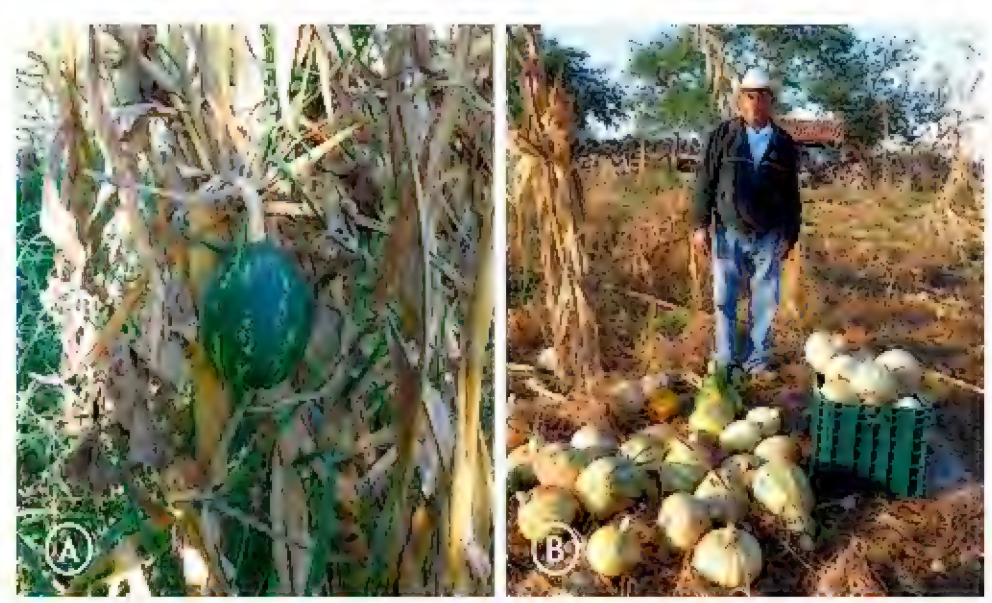


Figura 3. A) Calabaza *C. argyrosperma* ssp. *sororia* creciendo sobre *Zea mays* ssp. *parviglumis*, en Jalisco. Ambas subespecies son parientes silvestres de especies de calabaza y maíz domesticadas. B) Productor de la variedad cultivada *C. argyrosperma* ssp. *argyrosperma*, de la región de Autlán, Jalisco. Fotografías: Guillermo Sánchez de la Vega.

Figura 4. Diversidad de calabazas de la península de Yucatán. Fotografía: Guillermo Sánchez de la Vega.

labazas domesticadas son *Cucurbita argyrosperma*, conocida como calabaza criolla o pipiana (Figura 6); *C. ficifolia*, el chilacayote; *C. moschata*, la calabaza de castilla (Figura 7); *C. pepo* y *C. maxima*, kabosha, la calabacita. En los cultivos de ciertas zonas del país, estas especies conviven con sus parientes silvestres, que en algunos casos son endémicos de pequeñas regiones.

Las diferentes especies están adaptadas a distintas condiciones ambientales. Por ejemplo, *C. argyrosperma* es una especie cultivada (y también puede encontrarse en estado silvestre), que vive generalmente en zonas por debajo de los 1,800 m con climas cálidos y algo secos. *C. ficifolia*, sólo conocida en estado cultivado, prefiere altitudes mayores, de unos 1,300 m o más, en zonas templadas a frías. *C. moschata* se cultiva en casi todo el continente americano en lugares cálidos, con altitud menor de 1,000 m sobre el nivel del mar. *C. pepo* crece en lugares con altitud superior a 1,000 m y debido a su capacidad de hibridizar con otras especies tiene gran importancia y uso en fitomejoradores. Finalmente, *C. maxima* se cultiva en lugares con clima templado a seco, y se considera que se domesticó en América del Sur. Esta especie no se cultivaba en nuestro país, pero en los últimos años se ha introducido en el noroeste de México, y su producción ha sido principalmente para los mercados de exportación.

En las últimas décadas se ha visto reducida la diversidad genética de las variedades locales de calabaza. Una de las causas ha sido el abandono de su cultivo, ya que las calabazas locales han sido desplazadas por variedades nuevas y más productivas; en consecuencia, algunas variedades locales se han mantenido aisladas, y otras aún requieren selección y mejora de aquellas características sobresalientes y deseables para los agricultores y consumidores. El noreste de México es un ejemplo del desplazamiento hacia variedades nuevas: el cultivo de calabazas para exportación se ha incrementado considerablemente en las últimas décadas, porque representa una mejor opción de producción y obtención de divisas para los productores mexicanos.

En México el cultivo de calabazas comerciales inició hace aproximadamente 25 años en las regiones agrícolas de Sonora y Sinaloa principalmente. Algunas variedades comerciales de *C. pepo* han sido introducidas en el mercado de Latinoamérica, donde se usa como un sustituto de las tradicionales; y otras variedades de esta misma especie se siembran para exportación, como la calabaza *butternut* y *spaghetti*, cuya producción se destina a los Estados Unidos y Canadá con motivo del día de Acción de Gracias. Toda la producción de la calabaza *kabocha* (más de 50,000 toneladas), también conocida como *calabaza japonesa*, se destina al Japón, donde tiene el mayor consumo per capita a nivel mundial, y es un alimento tradicional, particularmente durante los festivales asociados al solsticio de invierno.

Figura 5. *C. lundelliana* especie silvestre creciendo en Calakmul, Campeche. Fotografía: Guillermo Sánchez de la Vega.

Trabajando en la genética y la genómica

A pesar de la importancia biológica y cultural de las calabazas, han sido pocos los esfuerzos encaminados a mostrar un panorama de la diversidad genética de las calabazas (con excepción de las variedades que han sido mejoradas para la producción de verdura (*C. pepo*)), si se compara con otras especies de la milpa. La mayoría de los estudios de diversidad genética se han enfocado en cuantificar atributos morfológicos, por lo que el nivel de conocimiento actual de la variación genética en México es todavía muy limitado. Los estudios genéticos y genómicos son necesarios para aportar información sobre dónde y cómo se domesticaron las calabazas, y cómo fue su posterior dispersión a diferentes regiones, en las que estas plantas se fueron adaptando a las prácticas de manejo y clima de cada localidad.

Recientemente, se ha renovado el interés para estudiar a los taxa silvestres de especies domesticadas, porque las plantas silvestres poseen una mayor diversidad genética (razón por la cual se les considera depósitos genéticos), que puede utilizarse para programas de mejoramiento de cultivos. Es importante determinar cómo está organizada la diversidad genética dentro y entre las poblaciones de estos parientes silvestres, buscando patrones genéticos a lo largo de su área de distribución geográfica, que pueden ser consecuencia de diversos procesos evolutivos tales como flujo génico, deriva genética, mutación y selección, entre otros. Con las herramientas genómicas que se han desarrollado a gran escala, y gracias a su relativo bajo costo, ha sido posible realizar proyectos multidisciplinarios de evaluación de la diversidad genética y la domesticación, que nuestro equipo de trabajo también está realizando. Los datos moleculares que hemos obtenido recientemente para mi tesis de doctorado, y en otros estudios que se realizan en el Instituto de Ecología y la FES Iztacala, UNAM, bajo la dirección de los doctores Luis Eguiarte y Rafael Lira, respectivamente, confirman una gran diversidad existente en las calabazas. Hemos encontrado que la diversidad genética presenta un patrón de "aislamiento por distancia" (mientras más lejanas las poblaciones, menos se parecen genéticamente), lo que sugiere que procesos como el intercambio de genes y la hibridación son muy importantes para las variedades domesticadas y sus parientes silvestres. A corto plazo, evaluaremos la diversidad genética para cada especie, con el fin de determinar cómo las prácticas de manejo agrícola de cada región influyen en esta diversidad.

Así como las cuevas han sido refugio y una fuente de información sobre la domesticación y el origen de las calabazas y la agricultura, los laboratorios e instituciones especializados en ciencias genéticas y genómicas se han convertido en modernos refugios de germoplasma, y refugios de la diversidad de estas es-

Figura 6. *C. moschata* (izquierda) y *C. argyrosperma* de la zona maya de Xbec, Yucatán. Fotografía: Guillermo Sánchez de la Vega.

Figura 7. *C. moschata* del sur de Quintana Roo. Fotografía: Guillermo Sánchez de la Vega.

pecies: permiten llenar los vacíos de información sobre aspectos genéticos, genómicos y etnobotánicos, ya sea documentando la presencia de las especies domesticadas y sus parientes silvestres a lo largo del país, o evaluando la diversidad genética que poseen y cómo está organizada. Además, permiten el estudio de genes particulares relacionados con la domesticación.

Conocer la diversidad genética y la forma en que se adaptan las calabazas en diferentes regiones, constituye un elemento de gran importancia para preservar áreas donde coexisten variedades cultivadas y sus parientes silvestres, debido a que estos últimos pueden ser la base para futuros programas de mejoramiento de cultivos actuales. La diversidad está estrechamente relacionada con las condiciones ambientales y las diferentes formas de usos de la calabaza. Para determinar las estrategias de conservación y aprovechamiento de estas plantas, es importante reconocer la variación morfológica y genética, así como la relación que esta variación guarda con el ambiente, y el impacto social que trae consigo. Por ello las estrategias de conservación deben estar vinculadas a su manejo, tanto tecnificado como tradicional, y a una política de conservación *in situ* y *ex situ* en bancos de germoplasma.

Para conservar la diversidad de las calabazas tanto cultivadas y silvestres, la conservación, evaluación, documentación, y la fácil disponibilidad de los recursos genéticos, son estrategias que se están volviendo cada vez más indispensables. Todo lo anterior requiere proyectos con financiamiento concreto, que definan claramente una serie de acciones interrelacionadas de conservación, adicionados con estudios especializados.

Agradecimientos

El presente trabajo se realizó con apoyo del Posgrado en Ciencias Biológicas de la UNAM y el programa de Becas para Estudios del Posgrado del CONACYT (Número de becario 292164), además de CONABIO a través del proyecto "Diversidad genética de las especies de *Cucurbita* en México e hibridación entre plantas genéticamente modificadas y especies silvestres de *Cucurbita*" (clave KE004).

Guillermo Sánchez de la Vega. Estudió la Licenciatura en Biología en la FES Iztacala y la Maestría en Ciencias en el Posgrado de Ciencias Biológicas de la UNAM. Fue Profesor Investigador de la UMAR en la costa de Oaxaca durante varios años y cuenta con experiencia en proyectos de manejo y conservación de recursos naturales. Actualmente estudia el Doctorado en Ciencias en el Laboratorio de Evolución Molecular y Experimental del Instituto de Ecología, en el proyecto *Diversidad Genética de* Cucurbita argyrosperma *en México*, bajo la dirección del Dr. Luis E. Eguiarte.

Para saber más

- Bellón, M.R., *et al.* 2009. *Diversidad y conservación de recursos genéticos en plantas cultivadas.* Pp. 355-382, *en: Capital natural de México*. Vol. II: Estado de conservación y tendencias de cambio. CONABIO, México.
- Flannery, K.V. 2002. "Había gigantes en aquellos días". Richard Stockton MacNeish, 1918-2001. *Arqueología*, (27), 113-127.
- Flannery, K.V. 1999. Los orígenes de la agricultura en Oaxaca. *Cuadernos del Sur*, 5:5-14.
- Lira, R., Casas, A. y J., Blancas. (eds.). 2016. *Ethnobotany of Mexico: Interactions of People and Plants in Mesoamerica.* Springer.
- Zeder, M.A. 2006. *Documenting domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms.* University of California Press.

Artículo

¿De la olla o refritos? Frijoles sazonados con una pizca de genómica

Azalea Guerra García

En Mesoamérica se domesticaron numerosas plantas que actualmente se consumen en todo el mundo. Probablemente el ejemplo más conocido es el maíz. Pero los frijoles también fueron domesticados en esta región de México y ocupan, sin lugar a dudas, un lugar significativo dentro de las aportaciones de nuestro país.

La domesticación es el proceso mediante el cual los humanos modificamos a las especies silvestres de acuerdo a nuestras necesidades y preferencias, dentro de ambientes que creamos y controlamos. En Mesoamérica uno de esos ambientes creados por los seres humanos es la milpa. Este agroecosistema, como le conoce la comunidad científica, tiene como eje central al maíz, pero comúnmente incluye otras especies domesticadas, como frijoles, calabazas, chile, epazote, quelites, etcétera. Sin embargo, fuera de las milpas se encuentran una gran variedad de especies de frijoles que no han sido modificados por el ser humano. Estos frijoles comúnmente se conocen como frijoles de monte y son los parientes silvestres de los frijoles domesticados.

Las especies de frijoles, tanto silvestres como cultivadas, pertenecen al género de leguminosas *Phaseolus*, el cual se distribuye desde el sureste de Canadá hasta el norte de Argentina, en una gran variedad de ecosistemas y condiciones climáticas. Dentro de esta amplia distribución, México es el centro de diversidad del grupo *Phaseolus*, es decir, aquí encontramos la mayoría de las especies de frijoles silvestres, y casi la mitad sólo habitan en México, en otras palabras, son endémicas.

A diferencia de los frijoles que comemos, las vainas de los frijoles silvestres son pequeñas bombas que explotan para liberar y dispersar los diminutos frijoles, que son sus semillas. Estas semillas son muy distintas a los frijoles que consumimos, ya que son duras y de color café, mientras que en los cultivos de frijoles, dependiendo de la región, es posible encontrar una amplia gama de colores que van desde negro hasta blanco, pasando por rosa, café, morado, con manchas, lisos y demás patrones (Figura 1). Todos estos cambios, y otros más que no vemos a simple vista, son resultado del proceso de selección que ha llevado a cabo el humano a través de miles de años. En el caso del frijol común, que pertenece a la especie *Phaseolus vulgaris*, el proceso de domesticación comenzó hace alrededor de 8,000 años.

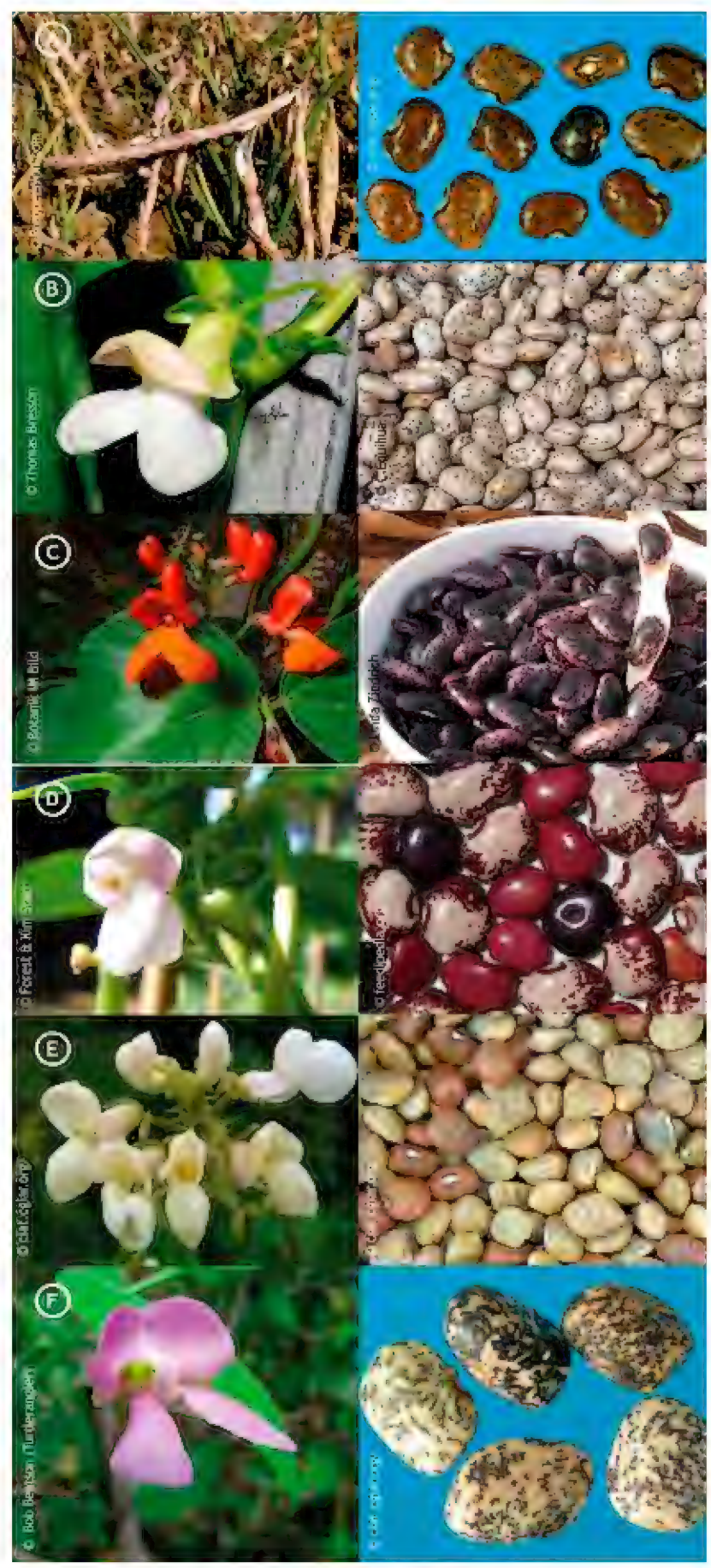


Figura 1. Especies de frijol domesticadas en México: a) *P. vulgaris silvestre*, b) *P. vulgaris*, c) *P. coccineus*, d) *P. lunatus*, e) *P. dumosus*, f) *P. acutifolius*.

Pese a que en México hay decenas de especies de frijoles silvestres, sólo cinco fueron de las que el ser humano se apropió y domesticó: *P. acutifolius*, *P. coccineus*, *P. dumosus*, *P. lunatus* y *P. vulgaris* (Figura 1). Este número no es despreciable, ya que de las más de 250,000 de especies de plantas con flores que existen en el mundo, sólo unas 2,500 han sido aprovechadas por el ser humano, y de éstas, apenas unas 250 se consideran completamente domesticadas. Cada una de estas cinco especies domesticadas de frijoles puede tener variedades con semillas de distintos colores, tamaños y formas, y estar adaptadas a ambientes diferentes. Sin embargo, la especie *P. vulgaris* es la más conocida y consumida. En los cuadros 1 y 2 se muestran usos y nombres comunes de las cinco especies domesticadas de frijoles.

En el campo de México, es frecuente observar a las formas cultivadas coexistiendo con sus parientes silvestres, e incluso pueden llegar a cruzarse. En algunos lugares los frijoles de monte también son aprovechados, ocupando las hojas como forraje para el ganado, o consumiendo las vainas y semillas en épocas de hambruna (aunque hacerlo es riesgoso porque pueden ser tóxicas y se requiere de una cocción cuidadosa).

Las especies domesticadas de mayor importancia económica han sido modelos de estudio en distintas áreas del conocimiento, incluyendo en el campo de la genética, que trata de elucidar cómo los seres vivos guardamos y transmitimos información contenida en nuestro ADN. Al conjunto de todo el material genético que contiene una célula se le conoce como genoma, y el estudio integral de éste es la genómica. A través de obtener información contenida en el genoma de las especies cultivadas es posible identificar cuáles genes han sido modificados por el humano a lo largo del proceso de domesticación. Estos genes son los que han producido las diferencias que podemos observar entre las formas silvestres y domesticadas.

De las cinco especies de frijoles domesticados, la que ha sido ampliamente estudiada es la del frijol común (*P. vulgaris*), cuyo genoma fue totalmente secuenciado en el 2014. Se estima que alrededor de 12% de su genoma ha sido afectado de una forma u otra por la domesticación. Dentro de este porcentaje se han identificado genes que producen plantas de mayor tamaño, semillas más grandes y pesadas, resistencia a patógenos, e incluso se ha determinado cuáles genes son responsables de evitar que las vainas se abran, impidiendo que las semillas se dispersen, lo que facilita que el agricultor coseche en el momento que considere adecuado.

Cuadro 1. Usos de las especies domésticas de frijol

Especie	Raíz	Follaje	Flores	Frutos (vainas)	Semillas
P. vulgaris		Forraje		Alimento, medicinal	Alimento
P. coccineus	Alimento, medicinal	Forraje	Alimento, medicinal	Alimento	Alimento
P. lunatus	Medicinal	Forraje			Alimento
P. dumosus		Forraje	Alimento	Alimento	Alimento
P. acutifolius					Alimento

Cuadro 2. Nombres comunes de las especies domésticas de frijol en México

Especie	Nombres comunes en México
P. vulgaris	Recibe muchos nombres de acuerdo a las características de la variedad: manera de crecimiento, forma y color de semilla, coloración de vaina, floración y maduración del grano, ambiente y localidad donde crecen.
P. coccineus	*Ayocotl* o *ayocote, xut chenek, xutito, sut cenek, pocohuinic, tacahuaquetl, tachena, botil o shbotil chenec, tecomarí, tukámuli, shashana, tangashtpu, chambotorte, patol, tacahuaquetl, yeguas, cimatl.*
P. lunatus	*Ib, I´buul, chak beechib, chak ib, patashete, shuyumin, pecta, comba.*
P. dumosus	*Acaletl o acalete, xoyema, patlaxte, yopatlaxtle, ibes, chuil chenec, isich.*
P. acutifolius	*Tepary, escumite, frijol güero, ixtakyetl, arroz bul.*

El conocer los genes relacionados con los cambios que ha producido la domesticación es importante por varias razones. Por ejemplo, nos ayuda a seleccionar directamente a los individuos que contienen en su ADN la información de las características deseables, lo que da mayor certeza al escoger qué individuos cruzar para que su descendencia presente los atributos que queremos. Antes sólo podíamos seleccionar a partir de la apariencia de los individuos adultos, lo que hacía el proceso de selección más difícil y tomaba más tiempo. Además, algunas veces los parientes silvestres o variedades de distintas regiones poseen características que son favorables para los cultivos, como la resistencia a plagas o a sequía. Identificando esos genes es posible transferir estas ventajas dentro de una especie, utilizando métodos tradicionales (sin recurrir a transgénicos, que pueden ser controversiales). Lo anterior evidencia la importancia de conocer y conservar la diversidad de variedades que existen en las distintas regiones de nuestro país, así como la de sus parientes silvestres.

Por otro lado, cuando conocemos la información que hay en el genoma, también se vuelve posible elucidar la compleja historia de la domesticación. Por ejemplo, el frijol común se consume desde hace miles de años tanto en Mesoamérica como en Sudamérica, específicamente en la región Andina, y una de las incógnitas más interesantes era si este frijol había sido domesticado en México y posteriormente llevado a Sudamérica, o si había sido domesticado de forma independiente en ambos lugares. Con ayuda de las herramientas genómicas, se confirmó que el frijol común fue domesticado de forma independiente y paralela en estas regiones, lo cual es inusual en las especies domesticadas; y no sólo eso, además se pudo determinar que las poblaciones de frijoles silvestres se separaron hace unos 165,000 años, mucho antes de su domesticación. ¿Se habrán modificado exactamente los mismos genes en los

dos eventos de domesticación? En Mesoamérica, 1,835 genes de *P. vulgaris* fueron afectados por la domesticación, y 748 genes en la región andina, pero únicamente 59 de éstos son compartidos. Lo anterior es un resultado evolutivamente muy interesante, ya que indica que a través de modificar distintos genes se puede llegar a resultados similares, como incrementar el tamaño y alterar el color de las semillas, o evitar que las vainas se abran (Figura 2).

Después del descubrimiento de América, se estableció un flujo de productos entre distintas partes del mundo, y entre las especies que fueron llevadas a Europa están los frijoles. Tan sólo un siglo después de su introducción, ya habían logrado gran popularidad y cobraron tal importancia que surgieron nuevas variedades y en algunas regiones desplazaron a las habas y a alubias provenientes de África. Existe evidencia de que las poblaciones de frijoles que se cultivan en Europa ya se han diferenciado de los frijoles americanos, y actualmente se están estudiando las disimilitudes entre los genomas de los frijoles del Nuevo y del Viejo Mundo para averiguar cómo se han adaptado a las nuevas condiciones y cómo ha continuado la domesticación del otro lado del océano Atlántico.

A diferencia del frijol común (*P. vulgaris*), las otras cuatro especies domesticadas no han recibido tanta atención. La segunda especie de mayor importancia económica y más estudiada es *P. lunatus*, pero existe gran disparidad en el cúmulo de información disponible entre *P. vulgaris* y *P. lunatus*.

Actualmente, en el Instituto de Ecología, estamos realizando estudios genéticos de *P. coccineus*, conocido en la zona del centro de México como ayocote, con la finalidad de identificar genes que han sido modificados por la selección humana, y compararlos con genes ya estudiados en el frijol común. A diferencia de éste, el ayocote es capaz de crecer a grandes altitudes y bajas temperaturas, además de ser resistente a plagas a las que *P. vulgaris* es vulnerable. De encontrar qué sitios del genoma están relacionados con estas características, *P. coccineus* podría usarse para, mediante mejoramiento, generar nuevas variedades que posean estos atributos deseables.

Lamentablemente, el cultivo de otras especies de frijol distintas a *P. vulgaris* está disminuyendo en México, en parte, por el abandono de la agricultura, por la tendencia mundial a los monocultivos y a sembrar sólo unas cuantas variedades comerciales. Esto puede llevar a la pérdida de variedades que se han generado en nuestro país, las cuales han resultado de un proceso que ha llevado miles de años. Lo anterior evidencia que conocer y estudiar estos cultivos y sus parientes silvestres es una tarea urgente e importante.

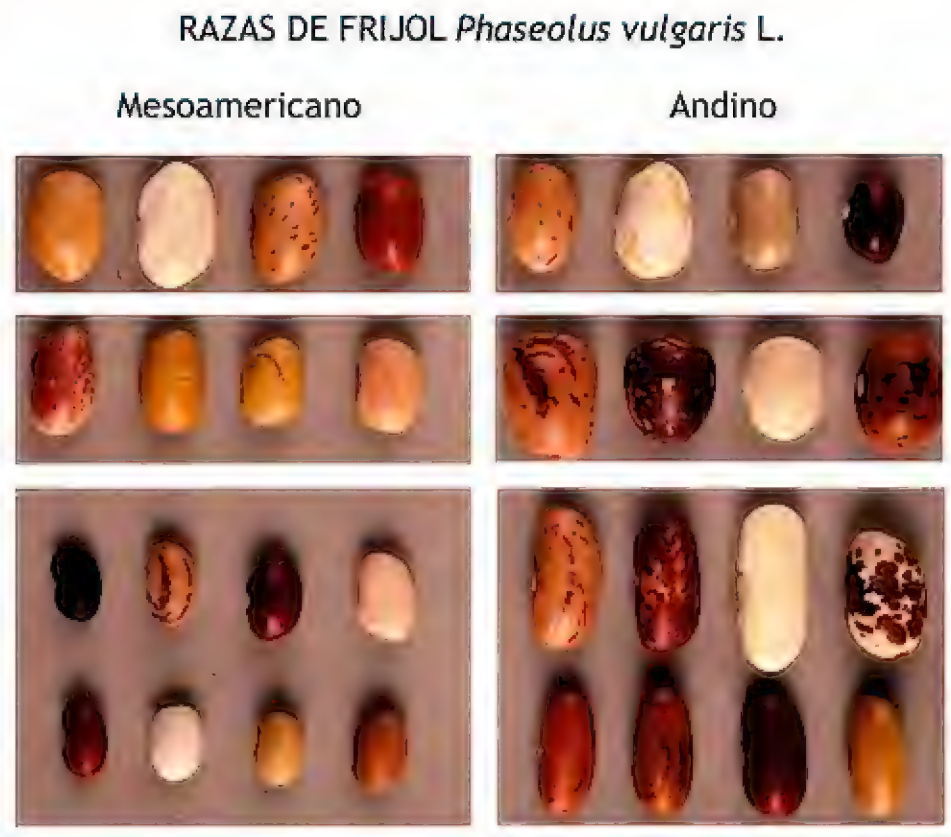


Figura 2. Variedades domesticadas de frijol común de Mesoamérica y Sudamérica. Fotografía modificada de: UCDAVIS Plant Sciences (https://goo.gl/ReZq9v).

Es fundamental notar que la domesticación es un proceso continuo, ya que los agricultores siguen seleccionando y sembrando, año con año, las semillas con las características favorables o que más les gusten por su color, sabor, forma o valor cultural. Es indispensable que los científicos mexicanos estemos en continuo contacto y retroalimentación con los agricultores para poder brindar herramientas que se ajusten a sus necesidades e intereses particulares, así como integrar y registrar el conocimiento que poseen.

Azalea Guerra García. Bióloga egresada de la Facultad de Ciencias. Realizó la maestría en el Instituto de Ecología estudiando patrones de diversidad genética de especies invasoras. Actualmente realiza el doctorado, en el cual, a través de herramientas genómicas, busca elucidar la historia de domesticación del frijol ayocote e identificar regiones de su genoma que fueron afectadas por la selección ejercida por el ser humano.

Para saber más

- Delgado-Salinas, A. 1988. Variation, Taxonomy, Domestication and Germplasm Potentialities in *Phaseolus coccineus*. Pp. 441-463, *en: Genetic Resources of Phaseolus Beans*. (Gepts P., ed.) Kluwer Academy Publisher.
- Delgado-Salinas A., Bibler R. y M., Lavin. 2006. Phylogeny of the Genus *Phaseolus* (Leguminosae): A Recent Diversification of an Ancient Landscape. *Systematic Botany,* 31:779-791.
- Freytag G.F. y D.G., Debouck. 2002. Taxonomy, Distribution, and Ecology of the Genus *Phaseolus* (Leguminosae-Papilionoideae) in North America, Mexico and Central America. Sida, Botanical Miscellany 23, Botanical Research Institute of Texas, Fort Worth.
- Schmutz J., McClean P.E., Mamidi S., Wu G.A., Cannon S.B., Grimwood J., Jenkins J., Shu S., Song Q., Chavarro C., Torres-Torres M. *et al.* 2014. A Reference Genome for Common Bean and Genome-wide Analysis of Dual Domestication. *Nature genetics,* 46:707-713.

Artículo

De Sonora a Yucatán. Chiles en México: diversidad y domesticación

Lev Jardón Barbolla

También comían los señores muchas maneras de cazuelas. Unas de ellas se llaman totolin patzcalmollo; quiere decir «cazuela de gallina hecha a su modo con chilli bermejo y con tomates y pepitas de calabazas molidas», que se llama ahora pipiana.

Fray Bernardino de Sahagún
Historia general de las cosas de la Nueva España Libro VIII

Bajo las copas de los árboles en las selvas secas, en lo que los ecólogos llamamos sotobosque o bajo-dosel, se asoman algunas plantas de hojas con forma de punta de lanza (lanceoladas). Es temporada de lluvias, y lo único que las distingue a la distancia son pequeños frutos, algunos verdes, algunos rojos (ya maduros) que apuntan al cielo. En distintas partes de México les llaman chiltepín, chile de monte, chilgole, *maax'ik*, chile pajarito, chile miraparriba. Como estos frutos apuntan al cielo, son fácilmente visibles para las aves, sensibles al color rojo, pero sorprendentemente insensibles a la *capsaicina*, la sustancia que hace picantes a los chiles. Este es el chile silvestre, *Capsicum annuum* variedad *glabriusculum*, especie que vive a lo largo de las costas y tierras bajas de México.

Como hace miles de años, cuando las sociedades prehispánicas comenzaron a usarlo (Figura 1), aún hoy es posible encontrar, de Sonora a Yucatán, desde el nivel del mar y hasta los 1,400 metros de altitud sobre el nivel del mar, poblaciones silvestres de la planta a partir de la cual se originaron los chiles que más cultivamos en México. De hecho, casi todos los chiles que podemos encontrar en nuestros mercados pertenecen a la misma especie: *C. annuum*. Resulta sorprendente que una misma especie presente la diversidad de formas, colores y sabores que tiene hoy en día este chile en estado doméstico (Figuras 2, 3 y 4). Desde los chiles piquines, muy similares en forma y sabor a los chiles silvestres, hasta los chiles poblanos, pimientos morrones y chiles *X'catic* de la Península de Yucatán, con un tamaño mucho mayor al de las plantas silvestres. La diversidad también se refleja en una gran cantidad de sabores secundarios, desde los perfumados chiles nanchita, los chiles serranos "criollos", en los que se distingue el sabor a hierba, a los achocolatados chiles huacles de la Cañada de Oaxaca o los chiles pasilla ligeramente dulces. Y están, claro, los chiles que son secados en ahumadores donde adquieren sabores y aromas peculiares, por ejemplo los chiles chipotles (literalmente "chiles ahumados" de las raíces náhuatl *chilli*, chile; y *poctli*, ahumado), los chiles rayados de las huastecas, o los chiles pasilla mixes.

Como en otras plantas cultivadas, la interacción de los grupos humanos con la naturaleza ha resultado en una diversidad muy interesante que podemos estudiar desde una perspectiva evolutiva para entender las consecuencias de la selección artificial y los sistemas de manejo sostenidos por los campesinos.

Un continente, varios chiles

La familia a la que pertenece el chile, la de las Solanáceas, ha sido prolija en cuanto a los cultivos que nos ha brindado. A ella pertenecen las papas, los jitomates, los tomates verdes y el tabaco, por mencionar algunos cultivos de origen americano. El género de los chiles, *Capsicum* se originó en América, donde se distribuyen de manera natural los parientes silvestres de las especies cultivadas. Sí, en plural, pues en realidad hay por lo menos cinco especies que han sido cultivadas: *C. pubescens* y *C. baccatum*, el rocoto y ají, originarios de los Andes; *C. chinense*, el chile habanero originado en el Caribe y cultivado en México; *C. frutescens*, el chile usado en la salsa Tabasco y originario de Centro y Sudamérica, y *C. annuum*, el chile más ampliamente cultivado y de origen Mesoamericano. En nuestro país podemos encontrar cuatro de estas

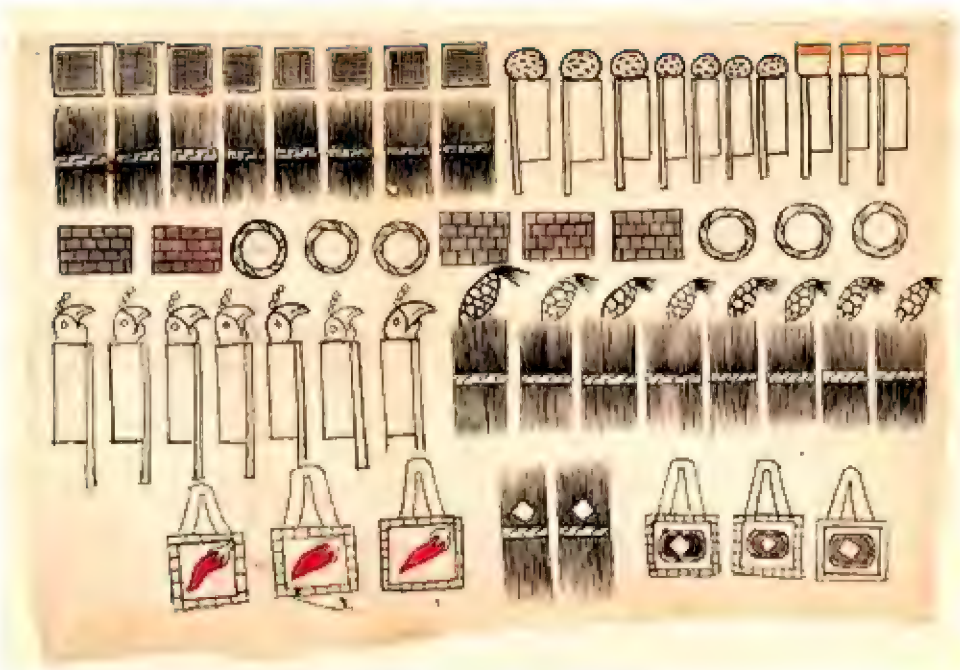


Figura 1. Representación de chiles en la matrícula tributaria del Códice Huejotzingo. Este códice formó parte de un juicio interpuesto alrededor de 1530 por los habitantes de Huejotzingo, que habían sido aliados de Cortés, contra el cobro excesivo de impuestos por la Monarquía española. Fuente: Biblioteca Digital Mundial.

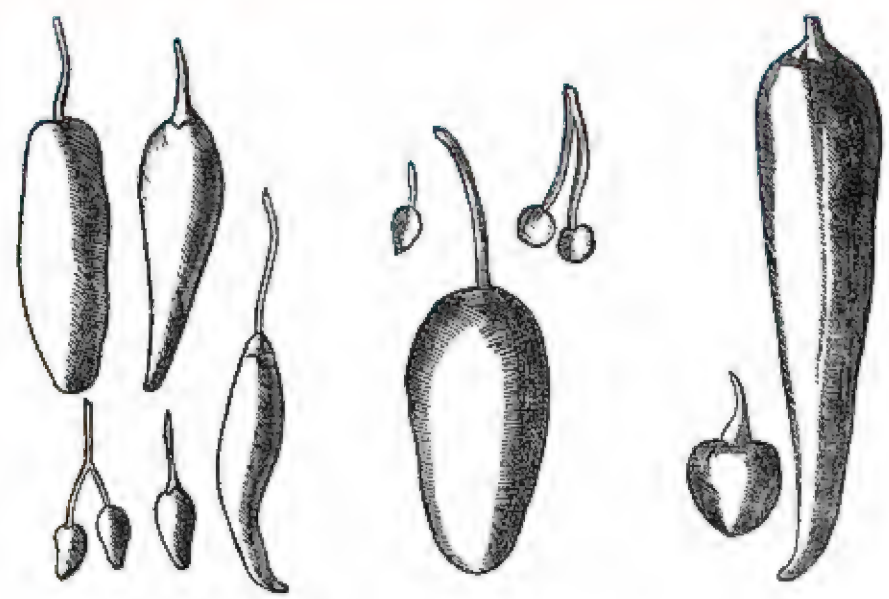


Figura 2. Láminas ilustrativas de chiles incluidas en la *Historia de las plantas de la Nueva España* de Francisco Hernández. Hernández escribió esta obra después de explorar de 1571 a 1576 el territorio mexicano, con el encargo del rey Felipe II de describir las plantas y animales útiles para el imperio español. La obra de Hernández se encuentra disponible en línea en: https://goo.gl/9svoLJ

cinco especies: el chile manzano (*C. pubescens*), el chile habanero (*C. chinenese*), el menos conocido *C. frutescens* (a partir del cual se elabora la salsa llamada Tabasco) y todos los demás (del pimiento Morrón al chile piquín) pertenecen a *Capsicum annuum*, que es sin duda la especie con mayor diversidad.

Los chiles silvestres se caracterizan porque los frutos crecen hacia arriba (de ahí que a veces se les llame mirasol) y por ser dehiscentes, lo que quiere decir que el fruto se cae solo al madurar. Son además muy picantes, pues contienen hasta 100 mil unidades *Scoville* de capsaicina, lo que quiere decir que habría que diluir 1 ml de extracto de estos chiles (como el piquín) en 100 mil partes de agua para dejar de percibir el sabor picante. Los chiles cultivados, crecen principalmente hacia abajo y se quedan adheridos al pedúnculo (el tallo que queda adherido al fruto aún después del corte), son mucho más diversos en la forma y sabor de sus frutos y pueden crecer a mayores altitudes, hasta los 2400 metros (Figura 3).

Una oportunidad Vaviloviana

En un artículo anterior (*Oikos=*, 14, agosto, 2015) mencionamos que cuando el científico soviético Nikolai Vavílov visitó México, se percató de que muchas especies cultivadas se encontraban también en estado silvestre, rasgo distintivo del Centro de Origen Mesoamericano de la Agricultura. El chile es una de ellas y en nuestro país podemos encontrar diferentes niveles de domesticación (Figuras 3 y 4).

Usualmente pensamos que las poblaciones de plantas y animales domesticados contienen sólo una parte de la variación genética que se halla en sus formas silvestres, pues los humanos han seleccionado los organismos con características útiles en determinados contextos ambientales, sociales y culturales y que facilitan el manejo agrícola (como la época del año para el cultivo, sistemas de mono o policultivo, con o sin irrigación, etcétera). Esta reducción en la variación es particularmente cierta en variedades comerciales de cultivos como el maíz o bien para razas de perros desarrolladas en los últimos 200 años y con cruzas altamente consanguíneas (entre parientes).

En muchos traspatios y milpas de nuestro país existen poblaciones arvenses de chile, plantas cuyas semillas han sido dispersadas por aves —a veces desde el medio natural, a veces desde otros traspatios y milpas— que crecen sin que los humanos las hayan sembrado. Estas plantas son cuidadas y utilizadas por los campesinos locales, quienes suelen colectar frutos para elaborar salsas, secarlos o conservarlos en vinagre, práctica común a lo largo de la costa del Pacífico mexicano. A veces, el polen de estas plantas silvestres de chile de monte llega a fecundar los chilares sembrados por la gente, promoviendo el intercambio de su material genético. De hecho, diferentes estudios que han usado técnicas moleculares han demostrado que algunas poblaciones de chiles cultivados en traspatios no solamente contienen mucha variación, sino que están relacionadas con las poblaciones silvestres cercanas como resultado del intercambio de polen y semillas entre ellas. Esto pone en evidencia que, si bien la domesticación del chile inició en los campos de cultivo de civilizaciones prehispánicas, es parte de un proceso que se mantiene hasta nuestros días. En este continuo proceso de domesticación, los campesinos, a veces sin saberlo, otras veces con toda la intención, incorporan a sus campos parte de la variación genética de las poblaciones silvestres, dando como resultado patrones complejos en morfología, adaptaciones, usos y en la genética del chile y muchas otras plantas.

Como ecólogos evolutivos nos interesa comprender cómo la selección natural y artificial, junto con la variación aleatoria en la composición genética de las poblaciones (proceso que se conoce como deriva génica), ocasionan cambios en las poblacio-

Figura 3. Dos poblaciones de chile de la costa de Oaxaca. A) Chile de monte (*C. annuum* var. *glabirusculum*) creciendo en remanentes de selva seca, los frutos son mayormente erectos y las plantas son perennes; B) Sembradío de chile costeño rojo (*C. annuum* var. *annuum*), nótese que los frutos son péndulos, al cosecharse, se cortan con todo y pedúnculo. Ambas poblaciones se encuentran en las inmediaciones del poblado de el Tomatal, separadas por pocos kilómetros. Fotografías: Lev Jardón Barbolla.

nes a lo largo del tiempo. El chile, *C. annuum*, es una especie muy interesante para estudiar este tipo de preguntas, dado que se cultiva en una diversidad enorme de condiciones climáticas y distintos tipos de suelo, para los que tiene adaptaciones (y variantes genéticas) específicas, modeladas por la selección natural, pero gran parte de su diversidad está asociada a los usos específicos que tiene en diferentes lugares y culturas, por lo que sus genes también han sido modelados por la selección artificial. Así, uno de nuestros intereses consiste en comprender hasta qué punto la selección natural y artificial, así como el flujo génico y la deriva han afectado a las poblaciones de chiles en diferentes localidades.

En México existen alrededor de 60 variedades locales cultivadas de chile, cada una con diferentes formas, hábitos de crecimiento, usos y propiedades apreciadas en diversas comunidades. Estas variedades no se distribuyen al azar, sino que suelen ser más diversas en regiones del país con importante presencia de culturas indígenas y, como Vavilov notó a inicios del siglo XX, muchas de estas variedades se encuentran en pequeñas parcelas o traspatios, lejos de los grandes centros de producción. Por ejemplo, en estados como Oaxaca, donde se concentra menos del 3% de la producción nacional de chile, existen entre 20 y 25 variedades locales. Otras regiones, como la Península de Yucatán, son notables porque a pesar de que las condiciones ambientales no son tan variables, existen varios tipos de chile con usos muy específicos en la cocina. Todas estas variedades existen relativamente cerca de poblaciones silvestres y de traspatio similares al chile silvestre con las que probablemente intercambian polen y genes.

De este modo, al contar nuestro país con tres ejes de diversidad: el del gradiente de domesticación, la enorme variación ambiental y la diversidad cultural —cada uno con una influencia directa en la diversidad de variedades de chile que se mantienen—, nos da una oportunidad única para estudiar la evolución bajo domesticación. ¿Cómo se distribuye la variación genética a lo largo de gradientes de domesticación en poblaciones de chile relativamente cercanas? ¿Cómo la selección artificial orientada por diferentes formas de uso ha afectado la distribución de esa variación? Hoy en día, podemos abordar estas preguntas usando tanto las herramientas de la genética molecular, como estudios morfológicos de los frutos y diferentes métodos de la llamada agroecología. Estas preguntas son las que estamos estudiando en un nuevo programa de investigación, como explico más adelante.

La capsaicina y los usos del chile

La capsaicina, protagonista principal en la famosa escala Scoville que mide la intensidad del picor, ha sido el objeto de múltiples estudios, programas de cruza y mejoramiento y es de gran importancia para la industria de los alimentos, pues contar con variedades o líneas de chiles más picantes permite reducir la cantidad de insumos necesarios para la elaboración de productos industrializados, como salsas y aderezos. Por otra parte y contra lo que pudiera pensarse por las sensaciones que produce, la capsaicina

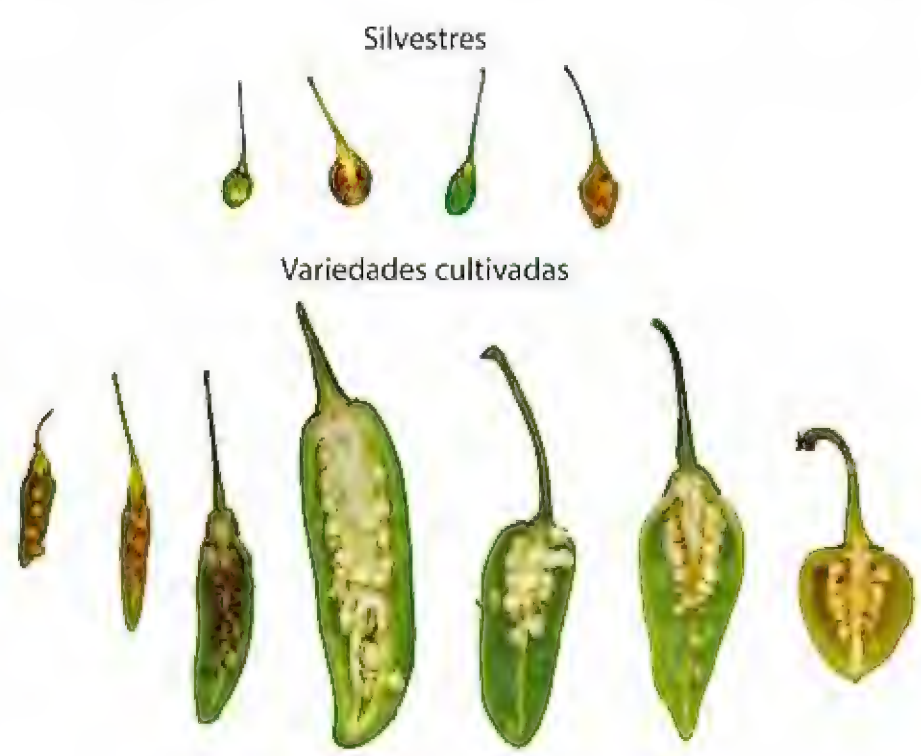


Figura 4. Algunos cortes longitudinales de variedades de chiles colectadas en la costa del Estado de Oaxaca. Arriba, chiles silvestres colectados en selvas caducifolias de la costa de Oaxaca. Abajo, de izquierda a derecha: chile piquín, chile mirasol, chile chocolate, chile serrano, chile costeño, chile zopilote y chile tusta. Cortes realizados por Mariana Benítez y Lev Jardón.

tiene propiedades antiinflamatorias, antioxidantes y analgésicas, además de tener actividad antimicrobiana y antiviral. Por esto la capsaicina extraída del chile tiene aplicaciones tanto en la medicina occidental, como en las prácticas de medicina tradicional en diversas regiones de México. Es notable el caso de Yucatán, donde chiles perennes como el piquín, *maax'ik* y payaso son usados como tratamiento preventivo contra el cáncer.

Esto ofrece un panorama interesante: si bien una consecuencia del proceso de domesticación en Mesoamérica fue la disminución en la cantidad del contenido capsaicina en los chiles cultivados (todas las variedades locales pican menos que el chile silvestre, con la excepción de los chiles piquines y chiltepines), existen otros atributos por los que también son seleccionados. El chile, además de dar sabor picante a los platillos, incorpora casi siempre una variedad de sabores secundarios. Estos sabores son muy importantes, pues es gracias a ellos que las salsas que maravillaban a Sahagún varían no solo en términos de cuánto pican, sino en la diversidad de sus sabores. En esto destacan los chiles secos, que son procesados después de su cosecha (asoleados, secados, o ahumados) pero también existe una amplia variación en los sabores y aromas de los chiles consumidos en verde.

Lo anterior nos habla de que las presiones de selección y los contextos de manejo de nuestras plantas cultivadas no tienen que ver solamente con la mejor adaptación al ambiente, a un clima o a un tipo de suelo determinados. En los procesos de domesticación, la dimensión cultural y social, particularmente la búsqueda de diferentes valores de uso ha sido muy importante en la diversificación de las plantas que la humanidad utiliza. Muchas de las propiedades seleccionadas en los chiles tienen que ver claramente con caracteres biológicos, como la forma de los frutos (morfología; Figura 4), sus características ecológicas (el tiempo de germinación, la velocidad de crecimiento, la cantidad de agua que requieren, etcétera) e incluso con su composición química (por ejemplo, los compuestos químicos como carotenoides y antocianinas, que son responsables de las variaciones en el color del fruto maduro, de amarillo a negro, pasando por el rojo y el púrpura). Por ello es plausible suponer que el proceso de domesticación orientado por el uso ha dejado también una huella genética, máxime cuando los extremos de variación en las formas van del chile piquín al chile poblano o del alargado chile *xcat'ik* al chile tusta en forma corazón. *Capsicum annuum*, el chile, es quizá un ejemplo vivo, tangible y degustable, de aquello que Alejo Carpentier llamó lo real-maravilloso americano.

Mirando el pasado y el futuro en el genoma del chile

Datos moleculares han revelado que el genoma (esto es, la colección de todos los genes) de *Capsicum* es cuatro veces más grande que el de algunos de sus parientes, como la papa y el jitomate. Un descubrimiento impresionante es que este crecimiento del genoma ocurrió hace relativamente poco (en términos evolutivos), durante los últimos 300 mil años. Cuando los procesos selectivos actúan sobre el genoma de un organismo suelen dejar huellas al reducir la variación genética en regiones cercanas a los genes que han sido sujeto de selección; es decir, son zonas donde al comparar varios individuos de una misma especie se observa un menor número de variantes en comparación con las que hay en otras partes del genoma. Qué tan pequeñas o que tan grandes son esas regiones, depende de qué tan intensa ha sido la selección (y la selección artificial suele ser muy intensa) y de lo que llamamos tasa de recombinación, que ocurre durante la formación de los granos de polen y los óvulos (esta tasa es variable entre las diferentes especies).

Así, la menor variación en ciertas regiones del genoma de un cultivo puede deberse al efecto de la combinación de la selección natural y la selección artificial, que en términos generales, disminuyen la diversidad genética presente en las variedades locales. En *Capsicum annuum* se han encontrado estas regiones de baja variabilidad. Muchos de los 511 genes del chile que presentan huellas de selección están relacionados con el desarrollo del fruto, con la respuesta de la planta a factores de estrés y con el control a partir de señales ambientales de la expresión de otros genes. Así, es interesante que las huellas selectivas del genoma del chile parecen reflejar los niveles o escalas que han sido importantes en la evolución de este cultivo: su adaptación local a diferentes ambientes manejados por los campesinos —expresada en los cambios asociados al estrés ambiental— y su adaptación a ciertas formas de uso y consumo.

Si, como afirmaba Stephen Jay Gould, el genoma funciona como un gran "libro de registro" donde quedan huellas de la historia evolutiva de los organismos, la oportunidad que ofrecen las herramientas de secuenciación masiva consiste en la posibilidad de explorar de manera más detallada ese libro, pues nos permiten estudiar las huellas de procesos biológicos y sociales que se han trenzado en la diversificación del chile (Figura 5). El estudio de la domesticación expresa uno de los temas centrales en la biología, remontarnos hacia atrás en el tiempo para reconstruir la genealogía de la diversidad. Este es el eje de un proyecto de investigación en el que colaboramos el autor, del Centro de Investigaciones Interdisciplinarias en Ciencias y Humanidades, UNAM, Luis Eguiarte y Mariana Benítez del Instituto de Ecología de la UNAM, y Kristin Mercer y Leah McHale, de la Universidad Estatal de Ohio, E.U.A.

Pienso que es importante comprender esa historia y esos procesos justamente porque vivimos en un mundo en el que gran parte de la diversidad agrícola, la llamada *agrobiodiversidad* se ha ido perdiendo en aras de un modelo agroindustrial que produce no en función de las necesidades de la gente, sino en función de las necesidades de la acumulación de capital (por ejemplo, hoy cerca del 50% de los chiles consumidos en México son producidos en China o la India de acuerdo al Comité Nacional del Sistema Producto chile.

Figura 5. Los chiles y su relevancia cultural, interpretada en la ilustración *The Domestication of Peppers*, realizada para este artículo por la pintora italiana Anna Zeligowski, médica y artista que ha ilustrado diversos libros científicos como *Evolution in Four Dimensions* de Eva Jablonka y Marion Lamb.

Históricamente, las necesidades de las comunidades humanas han tenido que ver no sólo con la producción de una cierta cantidad de comida, sino con la producción de formas de comida acordes a una identidad cultural que todo el tiempo está siendo recreada. La comprensión de las bases evolutivas del proceso de diversificación de los cultivos quizá nos ayude a recuperar el control sobre lo que comemos y sobre cómo lo producimos. Es decir, lo importante de comprender el mundo sigue siendo que ese conocimiento nos ayude a transformarlo en la dirección que colectivamente decidamos.

Agradecimientos

La investigación que realizamos es apoyada por el proyecto PAPIIT IA202515.

Lev Jardón Barbolla. Jardinero. Estudió Biología en la Facultad de Ciencias de la UNAM y luego el Doctorado en Ciencias en el Instituto de Ecología, también de la UNAM. Sus intereses de investigación incluyen evolución y genética de poblaciones en plantas. Actualmente estudia el proceso de domesticación y diversificación de las plantas cultivadas desde un punto de vista evolutivo y genético y su relación con la dimensión política del valor de uso como elemento central en la formación de cultura. En torno a este tema colabora en diversos proyectos de investigación con científicos del Instituto de Ecología. Es investigador Asociado C de Tiempo completo en el Centro de Investigaciones Interdisciplinarias en Ciencias y Humanidades de la UNAM.

Para saber más

- Aguilar-Rincón, V.H., T. Corona Torres, P. López López, L. Latournerie Moreno, M. Ramírez Meraz, H. Villalón Mendoza y J.A., Aguilar Castillo. 2010. *Los chiles de México y su distribución*. SINAREFI, Colegio de Postgraduados, INIFAP, IT-Conkal, UANL, UAN. Montecillo, Texcoco, Estado de México. 114 p.
- Kim, S., Park, M., Yeom, S. I., Kim, Y. M., Lee, J. M., Lee, H. A., ... y H.S., Choi. 2014. Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in *Capsicum* species. *Nature Genetics*, 46;270-278.
- Long Solís, J. 1998. Capsicum *y cultura: la historia del chilli.* México: Fondo de Cultura Económica.
- Sahagún, F.B. 2006. *Historia general de las cosas de la Nueva España*. México: Editorial Porrúa.

Artículo

Las plantas arvenses: más que hierbas del campo

Beatriz Rendón-Aguilar, Luis A. Bernal-Ramírez
y Georgina A. Sánchez-Reyes

Entrar a una milpa en alguna comunidad rural de nuestro país es envolverse con los aromas, texturas y colores de muchas plantas que crecen de manera desordenada. Es sentir el roce casi cortante de las hojas del maíz, ver cómo las matas de frijol con sus flores blancas, rojas o lilas se enredan y trepan sobre los tallos del maíz. Es escuchar, además, el zumbido de abejas y abejorros, o toparse con alguna larva de mariposa, y uno que otro escarabajo. La milpa es un ecosistema en toda la extensión de la palabra y como tal, lo que se experimenta dentro de ella, es tan especial como caminar por la selva o nadar en un río. Obviamente, desde la mirada de un biólogo, surgen muchas interrogantes sobre el por qué es así la milpa, de dónde surgen las plantas desordenadas, qué hacen los agricultores con ellas, ¿las usan o no?, ¿esas plantas le hacen daño a los protagonistas del cultivo: el maíz o el frijol?

En México es común que en los campos tradicionales se cultiven varias especies al mismo tiempo. Esta es una particularidad de los sistemas agrícolas tradicionales en Mesoamérica, conocida como *policultivo*. Se le llama así porque diversas especies vegetales están presentes, convergiendo en un espacio común destinado a satisfacer diferentes necesidades humanas, principalmente de alimento. El policultivo es mucho más complejo de lo que en su definición se sugiere, ya que no sólo es la siembra de dos o más especies vegetales en un espacio confinado: en él también se establecen interacciones entre los organismos que habitan, ya sean las plantas, cultivadas o no, y los que las llegan de manera espontánea, como pueden ser aves, roedores, insectos, hongos y bacterias, entre otros. No es extraño que los agricultores digan: "si comemos nosotros, por qué no dejar comer a los animales" haciendo referencia a pericos, conejos, gusanos cogolleros y demás. Por eso, afirmamos que la milpa es un ecosistema hecho por el ser humano, es decir, un agroecosistema y, como tal, está constituido por elementos florísticos, ecológicos y culturales muy particulares.

En términos florísticos, los policultivos están conformados por diversas especies sujetas a diferentes formas de manejo humano. Por un lado, tenemos a las plantas propiamente domesticadas, que los agricultores han seleccionado de manera intensa y directa con el objetivo de obtener características deseables para usarlas ellos mismos o para sus animales domésticos (véanse artículos de Sánchez de la Vega y Jardón en este número). También están las plantas consideradas como *toleradas*, que son especies que crecen espontáneamente en ambientes antropogénicos, sin ayuda del ser humano, pero que tienen adaptaciones a las condiciones de manejo del policultivo. Adicionalmente tenemos a las especies *fomentadas*, que también son plantas no domesticadas con adaptaciones a estos ambientes, pero cuyas semillas guardan ocasionalmente los agricultores para sembrarla en el siguiente ciclo agrícola, lo que representa una selección humana incipiente que, sin saberlo, asegura que crezcan profusamente. Estos dos últimos grupos de plantas, las toleradas y las fomentadas, conforman el grupo de plantas que se denominan *plantas arvenses*.

En términos ecológicos, las plantas arvenses juegan un papel muy importante en los sistemas agrícolas tradicionales, como son las milpas o los huertos familiares. Por ejemplo, se considera que son las pioneras en la sucesión en estos sistemas, es decir, son las que surgen primero cuando se abandona una milpa. Los agricultores de Guerrero, Jalisco, Oaxaca, Puebla, entre otros comúnmente hacen referencia al término huamil, para referirse a los terrenos en descanso de pocos años, en donde se observan muchas de las arvenses como parte de la sucesión temprana. Además, las arvenses son importantes porque sus raíces forman una malla, la cual evita que el suelo se desprenda y por lo tanto disminuye el riesgo de erosión; también guardan humedad, dan sombra y participan en el ciclo de nutrientes. Algunas de ellas sirven incluso de "plantas trampa" al alimentar a herbívoros que se pueden convertir en plaga, pueden alojar insectos benéficos o repeler a los parásitos, por lo que favorecen interacciones beneficiosas para el agroecosistema. Debido a que los sistemas agrícolas tradicionales en Mesoamérica se desarrollan en variadas condiciones ecológicas (altitud, suelo, humedad, temperatura), biológicas y culturales (prácticas agrícolas), es frecuente que las plantas que ahí se cultivan evolucionen y se

adapten a las condiciones particulares de cada lugar. Esta adaptación se debe a las complejas formas de manejo a las que están sujetas, por lo que es frecuente encontrar gran variación infraespecífica en muchas especies de arvenses.

Infraespecífica: son todas las categorías de nomenclatura taxonómica inferiores a la especie. Ejemplos son la subespecie y variedad. Para más información: http://www.iapt-taxon.org/nomen/main.php?page=art24.

Finalmente, en términos culturales, las arvenses juegan un papel muy importante al satisfacer diversas necesidades humanas: alimento (como lo son los diferentes tipos de quelites), medicamento, forraje, ornamento, para construcción e insecticidas, entre otros usos (Cuadro 1).

Las arvenses en los estudios de evolución bajo domesticación

Debido a que las arvenses forman parte de las especies que crecen espontáneamente en los sistemas antropogénicos, necesariamente están expuestas a las prácticas agrícolas de cada agricultor. Las arvenses son seleccionadas por la mano humana, aunque de forma diferente a las plantas domesticadas. En cada localidad o región las usan de manera distinta, y la cantidad de plantas que crecen en la milpa (su densidad poblacional) fluctúa de un año a otro. Además, muchos de los atributos por los que son utilizadas son determinados fuertemente por aspectos culturales y preferencias locales, como puede ser su sabor, textura, olor y color. Por esto, muchas arvenses que se consumen en un sitio, no son necesariamente del agrado de las personas en otro lugar. Por ejemplo, el pápalo (*Porophyllum macrocephalum* DC) lo comen abundantemente en el centro de México, mientras que en el norte es considerado una planta con sabor y olor desagradable.

Los factores mencionados arriba pueden determinar las características que seleccionan los agricultores de distintas regiones. Y son precisamente estas variaciones culturales, ecológicas y geográficas las que hacen de las arvenses un grupo muy interesante para desarrollar estudios de evolución bajo domesticación.

Un ejemplo de estos procesos humanos y naturales que determinan la evolución y ecología de las arvenses lo encontramos con una planta conocida como alache, *Anoda cristata* (L.) Schltdl. una malvácea (de la familia del algodón) que se encuentra prácticamente en todo el continente americano (Figura 1). Son plantas *ruderales*, es decir, que crecen en sitios perturbados. Sin embargo, en el centro y sur de México se consumen como alimento y generalmente se localizan creciendo como arvenses, junto con poblaciones que crecen asociadas a perturbaciones humanas (ruderales) en la misma área de distribución. Dentro de las poblaciones arvenses, la gente reconoce dos variantes de alache: "macho" (Figura 2a), que son plantas con hojas alargadas y gruesas, con pubescencias o vellosidades; y la "hembra"

Cuadro 1. Especies útiles presentes en las milpas de la región de San Bartolo del Llano, Estado de México. Se indica en orden: Familia, nombre científico, nombre común y usos.

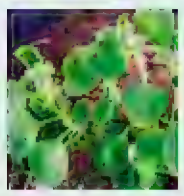
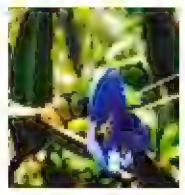
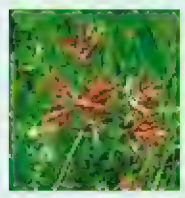
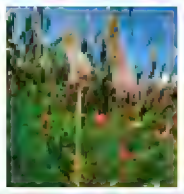
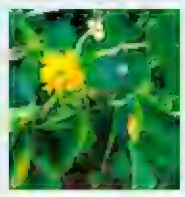
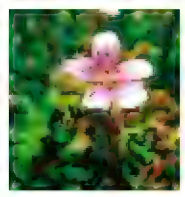
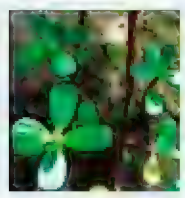
Amaranthaceae *Amaranthus hybridus* L. Quintonil Comestible y forraje	
Asteraceae *Cosmos bipinnatus* Cav. Mirasol Ornamental	
Brassicaceae *Brassica rapa* L. Nabo o corazón Comestible y forraje (para ganado y la vaina para los pajaritos)	
Brassicaceae *Raphanus raphanistrum* L. Mortaza Comestible y forraje	
Caryophyllaceae *Drymaria glandulosa* Bartl Oreja de ratón Comestible	
Commelinaceae *Commelina coelestis* Willd. Hierba del pollo Medicinal (se toma cuando se padece estreñimiento)	
Cyperaceae *Cyperus esculentus* L. Panochita o coquillo Comestible (tubérculos) y forraje	
Fabaceae *Dalea leporina* (Ait.) Bullock Medicinal (para dolor de estómago)	
Fabaceae *Medicago polymorpha* L. Trébol Comestible	
Geraniaceae *Geranium seemannii* Peyr. Pata de león Medicinal (para dolor de estómago, cólicos, rozaduras de bebé y para las heridas)	
Portulacaceae *Portulaca oleracea* L. Verdolaga Comestible	

Figura 1. Flor de alache. Malvácea que crece en sitios perturbados. En algunos lugares de México se consume como alimento. Fotografía: Rocío Brito García.

Figura 2. El alache tiene dos variantes que son conocidas como "macho" (A) y "hembra" (B). La gente prefiere consumir la variante "hembra". Fotografía: Luis Alberto Bernal Ramírez.

(Figura 2b), cuyas hojas son anchas y delgadas, glabras o sin vellosidades. La gente consume y selecciona preferentemente las hojas de las variantes "hembra". Las puntas (partes apicales) de la planta, que incluyen hojas, botones y tallos tiernos, se hierven y se cocinan con sal, ajo, calabacitas tiernas y habas; y el guiso es acompañado con chile verde, limón y cebolla.

Los estudios que se han desarrollado para entender la variación morfológica de las plantas hembra o glabras y el posible efecto que podría tener la selección humana, muestran diferencias significativas en varios atributos. La comparación entre poblaciones ruderales y arvenses de esta especie muestra que, las últimas, son plantas con poca vellosidad, más suaves, con hojas grandes y de crecimiento más abundante. En términos de los mecanismos de defensa, también se observa que las poblaciones arvenses reciben mayor daño, lo que pareciera estar relacionado con el mayor contenido nutricional.

A pesar de la importancia de las plantas arvenses en las culturas mesoamericanas, al momento hay muy pocos estudios que buscan entender si hay procesos de domesticación, así como el efecto de la selección humana y si hay cambios en los rasgos involucrados.

La diversidad de plantas arvenses en los agroecosistemas

Otro tema apasionante en el estudio de las arvenses es el análisis de la diversidad de estas plantas que se pueden encontrar en los sistemas agrícolas tradicionales, ¿cómo varía la cantidad y tipos que hay en un cultivo según la estación del año? ¿cuáles permanecen en el suelo en forma de semillas conformando lo que se llama un banco de semillas? A pesar del cambio en las técnicas, prácticas e insumos utilizados en la agricultura moderna, todavía se reportan muchos tipos de arvenses en México, principalmente nativos. De las 2,298 especies reportadas como arvenses en diferentes estudios, el 96% son nativas de México y el resto son especies exóticas.

Los pocos estudios sobre arvenses útiles en México, particularmente en milpas, reportan un número variable, pero nada despreciable, de este tipo de plantas, que puede ser de unas decenas, hasta más de 300 especies. Es interesante notar que hay familias botánicas que están más representadas en este grupo de plantas, como los son Asteraceae (entre otras muchas plantas, aquí se clasifica a los girasoles y a las dalias), Poaceae (todos los pastos), Malvaceae (familia que incluye al jitomate, algodón y a la ceiba), Amaranthaceae (familia del amaranto, entre otros) y Fabaceae (familia de las leguminosas como el frijol o la lenteja). Algunos ejemplos de plantas arvenses útiles se muestran en el Cuadro 2.

Además de obtener listados de especies, algunos estudios han analizado su estacionalidad, y sus resultados indican que la disponibilidad de arvenses en las milpas con manejo tradicional, cambia del inicio al final de la estación de lluvias. También se ha demostrado que en el banco de semillas de las milpas hay un almacén importante de arvenses que, debido a las prácticas agrícolas, permanecerán en estado de latencia, esperando el momento en que haya la humedad e iluminación adecuada para germinar, propias de cada especie. En todos los casos, las arvenses tienen diversos usos: medicina, forraje, alimento y con fines mágico-religiosos.

El futuro de las arvenses

El objetivo de la agricultura es proporcionar una seguridad alimentaria a las poblaciones humanas y, con el paso del tiempo,

Cuadro 2. Compuestos nutricionales de las hojas con aporte a la dieta						
Especie	Proteína	Fibra	Cenizas	Grasa	Carbohidratos	Referencia
Amaranthus spinosus L.	32	10	15	4	-	Akpanyung *et al.*, 1995
A. dubius Mart. ex Thellung	4	3	3	0	8	Odhav *et al.*, 2007
A. viridis L.	24	-	-	9	-	Sena *et al.*, 1998
A. hybridus L.	27	11	17	5	51	Akpanyung *et al.*, 1995
Anoda cristata (L.) Schltdl.	28	9	16	4	5	Este estudio
A. cristata (L.) Schltdl.	31	9	13	6	-	Casas *et al.*, 1994
Beta vulgaris L.	3	1	-	-	-	Vázquez, 1991
Bidens pilosa L.	5	3	3	1	4	Odhav *et al.*, 2007
Chenopodium album L.	5	2	3	1	8	Odhav *et al.*, 2007
Ch. berlandieri Moq.	5	1	4	-	-	Rendón *et al.*, 2001
Cynanchum jaliscanum (Vail) Woodson	22	12	12	8	-	Casas *et al.*, 1994
Crotalaria longirostrata Hook. & Arn.	6	3	-	-	-	Vázquez, 1991
Euphorbia graminea Jacq.	21	15	14	6	-	Casas *et al.*, 1994
Hibiscus sabdariffa L.	23	-	-	15	-	Sena *et al.*, 1998
Lactuca sativa L.	1	1	-	-	-	Vázquez, 1991
Malva parviflora L.	5	1	2	-	-	Rendón *et al.*, 2001
Melothria pringlei (S. Watson) Mart. Crov.	19	10	13	3	-	Casas *et al.*, 1994
Momordica balsamica L.	5	3	2	0	7	Odhav *et al.*, 2007
Physalis viscosa L.	6	2	2	1	9	Odhav *et al.*, 2007
Porophyllum ruderale (Jacq.) *Cass. ssp. macrocephalum* (DC.) Johnson	2	-	-	-	-	Vázquez, 1991
Portulaca oleracea L.	44	-	19	-	-	Mohamed y Hussein, 1994
Pterocarpus mildbraedii Harms.	26	8	6	5	55	Akpanyung *et al.*, 1995
Senna occidentalis (L.) Link.	7	3	4	2	9	Odhav *et al.*, 2007
Solanum nondiflorum Jacq.	3	2	2	1	9	Odhav *et al.*, 2007
Spinaca oleracea L.	2	0	2	-	-	Vázquez, 1991

gracias a esta práctica se han podido mantener mayores poblaciones junto con el grupo de animales que conforma el ganado. En este proceso, desde la década de 1960, se han desarrollado diversas técnicas agrícolas y biotecnológicas para incrementar aún más la producción de alimentos y simplificar el cultivo impulsando el monocultivo, el cual se ha erguido como el sistema agrícola más importante a nivel mundial (véase la revolución verde). Esto ha llevado al sacrificio de tal vez centenas de arvenses, que durante miles de años habían sido utilizadas como alimento (por ejemplo, los quelites), medicina, forraje, condimento, para prácticas rituales, etcétera, las cuales incrementaban la cantidad de materia orgánica útil en el agroecosistema.

Es un hecho que la producción de alimentos se ha incrementado, pero el costo de su producción es muy elevado desde diversos puntos de vista: económico, de salud, cultural, de diversidad biológica y de especies útiles. Georgina Sánchez-Reyes demostró en su tesis de maestría, cómo el efecto de los herbicidas disminuye drásticamente la riqueza de arvenses en las milpas (de 23 a 9 especies) y favorece la presencia de algunos pastos principalmente, que son muy agresivos y que no tienen ni utilidad, ni aportan un beneficio significativo en el rendimiento de maíz. También demuestra que afectan indirectamente al banco de semillas, disminuyendo la riqueza de especies, muchas de ellas útiles y favoreciendo la acumulación de semillas de especies invasoras extremadamente agresivas.

Perspectivas

Son pocos los estudios sobre las arvenses en los diversos sistemas agrícolas. Por eso podríamos decir que son plantas misteriosas, y eso debe ser una invitación a enfocarnos a este tipo de temas, que se encuentran en el umbral de la ciencia básica y sus aplica-

ciones. Son muchas las preguntas que surgen para entenderlas: ¿cuál es su dinámica en el espacio-tiempo dentro de los sistemas agrícolas? ¿cómo afecta la forma de manejo a su morfología, fisiología y genética? ¿cómo afecta el rendimiento del cultivo o cultivos principales? ¿cómo interactúan con otros organismos, por ejemplo con los animales que las dispersan o polinizan, con los organismos que las consumen, o con microorganismos como hongos y bacterias, que podrían ser patógenos? así como ¿cuáles son los aspectos culturales que determinan sus formas de uso y manejo?

Finalmente, una de las soluciones al inminente problema del desabasto alimenticio quizá sea retomar el uso de especies arvenses como alimento. Si bien es cierto que su aprovechamiento está limitado regionalmente, es justamente a este nivel donde se debe trabajar para recuperar el conocimiento tradicional y así traducirlo a estándares científicos para su potencial comercialización.

El entrar a una milpa y tener la oportunidad de probar, oler y mirar a todas esas plantitas aparentemente estorbosas, nos ayuda a reflexionar sobre todo lo que ha implicado miles de años de evolución bajo manejo humano. También debe ser una oportunidad para reflexionar sobre cómo hemos destruido gran parte de ese cúmulo de conocimiento cuando incorporamos prácticas e insumos inadecuados, pero al mismo tiempo nos da la esperanza de que hay mucho conocimiento que prevalece, que se puede rescatar y retomar para implementar mejores formas de producción agrícola, altamente productivas, sustentables y menos dañinas para todos los seres vivos.

Agradecimientos

A Georgina Sánchez Reyes, Luis Alberto Bernal Ramírez y David Bravo Avilez por las imágenes.

Beatriz Rendón-Aguilar. Bióloga y doctora en ciencias por la UNAM. Actualmente es profesora-investigadora en el departamento de Biología de la Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa. Especializada en Etnobotánica, su interés es registrar y entender el conocimiento tradicional como la base que sustenta a las diversas culturas y como potencial para el desarrollo de prácticas de manejo sustentable. Como ecóloga evolutiva, su interés es entender los procesos relacionados con la evolución bajo domesticación en plantas, así como las interacciones entre las plantas, el hombre y otros organismos presentes en los agroecosistemas. Correo electrónico: bra@xanum.uam.mx.

Luis A. Bernal-Ramírez. Biólogo especializado en etnobotánica. Ha trabajado en proyectos relacionados con el uso y manejo de plantas en diversas etapas del proceso de domesticación. Se interesa por comprender los cambios que ocurren en las especies como consecuencia de la manipulación humana, así como por la percepción, transmisión y acumulación continua del conocimiento tradicional. Correo electrónico: techalotl@gmail.com.

Georgina A. Sánchez-Reyes. Bióloga egresada de la UAM con Maestría en Ecología y Etnobotánica de arvenses asociadas al maíz. Sus intereses son la etnobotánica, la ecología de arvenses, y la conservación de la biodiversidad y de la bioculturalidad, así como de las formas de apropiación del territorio de los pueblos indígenas. Ha trabajado en programas de aprovechamiento de recursos forestales (maderables y no maderables), muestreo e identificación de flora y proyectos productivos que involucran el rescate del conocimiento tradicional local en zonas indígenas. Correo electrónico: georgina-lethia@gmail.com.

Para saber más

- Altieri, M.A. 1992. Ecología y manejo de malezas. Capítulo 14. Pp. 262-281, en: *Agroecología. Bases para una agricultura sustentable*. (Altieri M., A.) Norda-Comunidad. Montevideo.
- Espinosa-García, F. 1981. Adiciones a la flora arvense del Valle de México. *Boletín de la Sociedad Botánica de México,* 41:27-32.
- Liebman, M. 1999. Sistemas de policultivos. Pp. 191-203, *en: Agroecología. Bases para una agricultura sustentable*. (Altieri, M.A.) Norda-Comunidad. Montevideo.
- Rendón, B., R., Bye y J., Núñez-Farfán. 2001. Ethnobotany of *Anoda cristata* (L.) schl. (Malvaceae) in central Mexico: Uses, management and population differentiation in the community of Santiago Mamalhuazuca, Ozumba, state of Mexico. *Economic Botany*, 55(4): 545-554.

Hecho en casa

De la genómica a la sostenibilidad: el caso de México

Luis David Alcaraz

El término genoma es relativamente nuevo, surgió hace poco más de 90 años y proviene de la fusión de dos palabras: gen y cromosoma. La genómica se puede considerar como una rama de la biotecnología, que se define como el estudio de los genes y sus funciones. Se diferencia de la genética en la escala de estudio. La genética evalúa la función de genes individuales mientras que la genómica analiza todos los genes y sus interrelaciones en el desarrollo de un organismo.

Genómica y el genoma humano

En las últimas dos décadas, el desarrollo de la genómica ha sido tan espectacular que es comparable con el rápido desarrollo de la computación. Particularmente el proyecto del genoma humano original fue un impulsor importante de este campo. Este proyecto tuvo un costo de $3,000,000,000 de dólares y tomó cerca de 13 años completar, al final se obtuvo la secuenciación del genoma humano, es decir el orden de los nucleótidos de ADN (ácido desoxirribonucléico) que conforman todos sus cromosomas.

Durante el proyecto del genoma humano se desarrollaron múltiples tecnologías y procesos se han ido optimizando, automatizando y economizando, hasta el punto en el que ahora, en el 2017, es posible secuenciar un genoma humano por US $1,000 en un par de meses, ¡esto representa seis órdenes de magnitud menos de lo que costó el proyecto original! También ya es posible que un laboratorio relativamente pequeño pueda hacer investigación genómica, y es muy probable que el entrenamiento en este tipo de tecnologías sea cada vez más común durante la formación científica de los estudiantes del área de biología.

> El genoma humano empezó a ser secuenciado por un consorcio financiado públicamente, y años después, un esfuerzo privado liderado por J. Craig Venter logró, gracias al el método WGS, alcanzar los esfuerzos del consorcio público, gastando apenas una fracción de los costos. El proyecto público y el privado publicaron resultados preliminares en 2000 (https://goo.gl/CsqNyl).

Una de las principales mejoras que permitió reducir los costos y tiempos de secuenciación fue el desarrollo de la secuenciación automática del ADN por "escopetazo" (*Whole genome shotgun*, WGS por sus siglas en inglés, Figura 1). De esta forma se obtiene el ADN genómico de un organismo y se rompe en millones de pequeños fragmentos de unos 100 a 1,000 pares de bases. Esta innovación metodológica sólo fue posible gracias al aumento sustancial de la capacidad de cómputo ya que, después de obtener millones de fragmentos de ADN, es necesario unirlos, como si fuera un rompecabezas de ADN gigante.

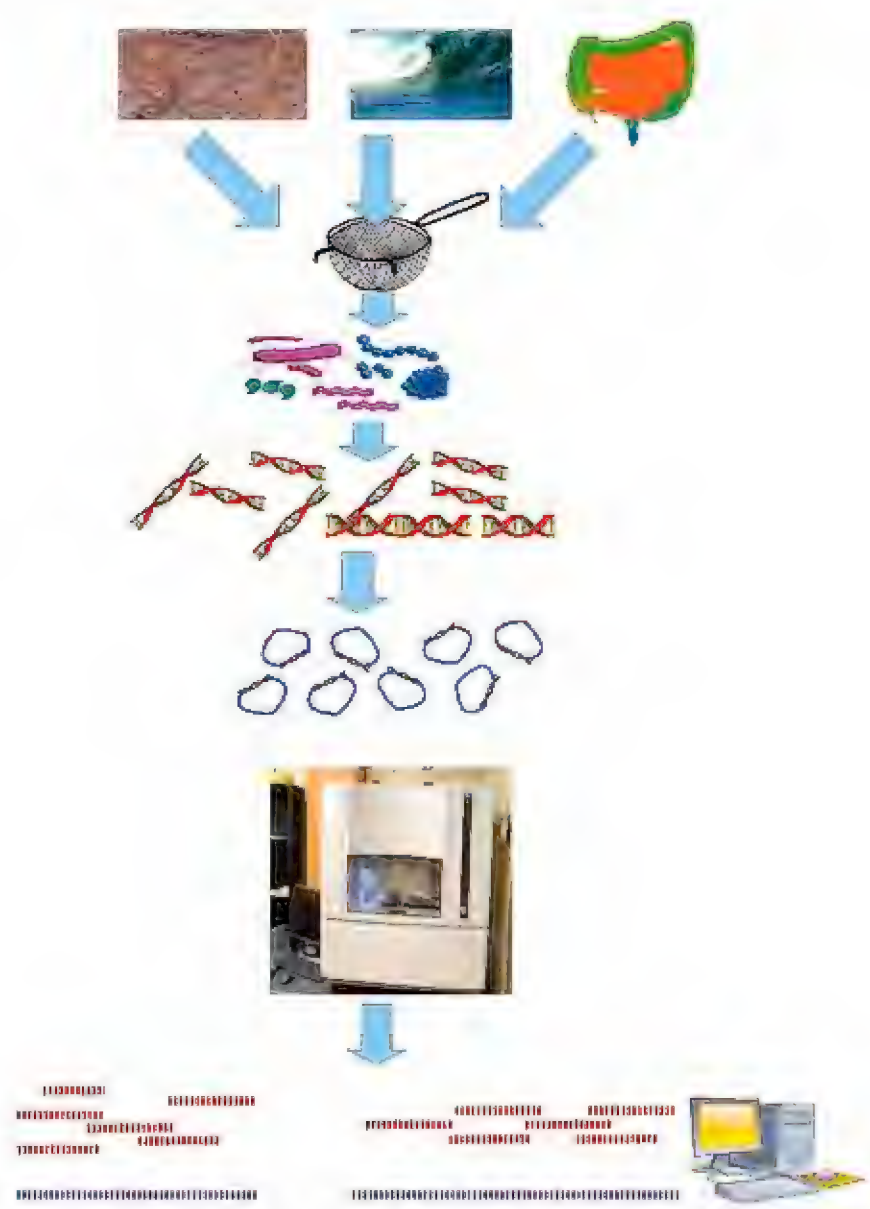


Figura 1. La técnica del escopetazo consiste en tomar una muestra de agua, suelo, etc. Por medio de métodos moleculares se extraen fragmentos de ADN que, posteriormente se reconstruirán usando métodos computacionales. Fuente: John C. Wooley, Adam Godzik e Iddo Friedberg CC BY 2.5 vía *Wikimedia Commons*.

Patentes y recursos genómicos: el tratado de Nagoya

De la velocidad en la secuenciación genómica, se pasó a temas que van más allá de ciencia y la tecnología. Al inicio de la era genómica, entidades públicas (NIH, USA) y privadas (Celera Genomics y otras similares) intentaron patentar los genes humanos que pudieran ser de alguna utilidad de diagnóstico o terapéutica (por ejemplo, véase *Los genes humanos son de todos*). Por lo anterior, las ciencias genómicas se volvieron objeto de estudio y debate de la bioética. Aunque muy pronto en la investigación surgió este debate, la postura actual del Tribunal Superior de Justicia de Estados Unidos es que no es posible patentar genes humanos, pues son considerados patrimonio de la humanidad en su conjunto.

En México, la legislación que tiene que ver al respecto son los artículos 15 y 16 de la Ley de Propiedad Industrial, donde los criterios para generar una patente son que la invención permite transformar la materia o la energía de la naturaleza para satisfacer las necesidades del hombre, pero no se puede patentar "el material biológico y genético tal como se encuentran en la naturaleza", entiéndase en el genoma humano, en las razas de animales o en las variedades vegetales.

No es trivial definir cuál es el estado de un gen en la naturaleza, porque los organismos del planeta tienen una infinidad de posibles combinaciones de genes. Por esta razón existen acuerdos internacionales —como el protocolo de Nagoya promovido por la Convención de la Diversidad Biológica de Naciones Unidas (ONU)— donde se establece el uso justo y equitativo de los beneficios derivados del uso de recursos genéticos. Este protocolo está ratificado por México y otros 52 países.

El protocolo de Nagoya busca proteger el uso de los recursos genéticos. Por ejemplo, si se generan beneficios de un conocimiento derivado de la medicina tradicional, se obliga a compartir las ganancias con las comunidades donde se utiliza ese remedio. Esto conlleva a que se deben de establecer mecanismos que permitan monitorear el uso de los recursos genéticos en distintas fases, desde la investigación hasta la comercialización de estos recursos.

Microorganismos y metagenomas

Una de las cosas que hemos aprendido gracias a la genómica, es que la diversidad metabólica de este planeta se encuentra almacenada en forma de microorganismos. Las bacterias pueden vivir desde el fondo del mar, hasta los 65 km de altitud en la atmósfera. Estos organismos fueron responsables de la contaminación inicial de nuestro planeta con oxígeno, mismo que hemos aprendido a respirar (véase La larga marcha del oxígeno en la Tierra: mortal para unos, indispensable para otros en *Oikos*=15). Las bacterias también son las principales responsables del ciclado de nutrientes en nuestro planeta.

Se estima que en nuestro planeta viven unas 1,030 células bacterianas (los científicos todavía no tienen las herramientas y recursos para estimar el número total de especies), para tener idea de esta magnitud se considera que el total de estrellas visibles desde nuestro planeta es de 7 x 1022, esto es en la Tierra hay 10,000,000 más bacterias que estrellas que estudiar. La relevancia de las bacterias no es nada despreciable, por ejemplo, el peso total de las bacterias en la Tierra se estima en unos 1.81 x 1022 kg, que es más de 2,000 veces la masa de todos los humanos (6,500 millones) que vivimos en este planeta. Todas estas bacterias viven en los suelos, cuerpos de agua dulce y salada, o dentro de la mayoría de los organismos.

Esta diversidad microbiana ha atraído la atención de los estudiosos de los genomas. Hasta octubre de 2015, en la base de datos *Genomes Online* (Genomes Online DB) existían cerca de 71,000 proyectos de secuenciación para 65,717 organismos, de los cuales la mayoría son bacterias (49,000), seguido por eucariontes (plantas, animales, hongos: 11,000), virus (4,400) y archaeas (1,100). En esa base de datos existen 600 proyectos metagenómicos registrados.

La *metagenómica* es el estudio de comunidades biológicas a través de la secuenciación del material genético que está presente en un ambiente determinado (por ejemplo, en agua de un lago, en una muestra de suelo o en el estómago de un organismo). La metagenómica también es conocida como ecogenómica, genómica de comunidades o genómica ambiental. Una de las razones del crecimiento exponencial en el número y calidad de los estudios metagenómicos, es que, mediante el estudio del ADN de las comunidades microbianas, los científicos nos dimos cuenta de que lo que sabíamos de microbiología tan sólo era un 1% de lo que se ha estimado, en cuanto a la diversidad de especies que existe en la naturaleza. En el caso los microorganismos, la metagenómica nos libera de la necesidad de cultivar en una caja de Petri cada uno de ellos, y podemos estudiar, a través de sus genes, la composición de especies y funciones presentes en distintos ambientes (Figura 2).

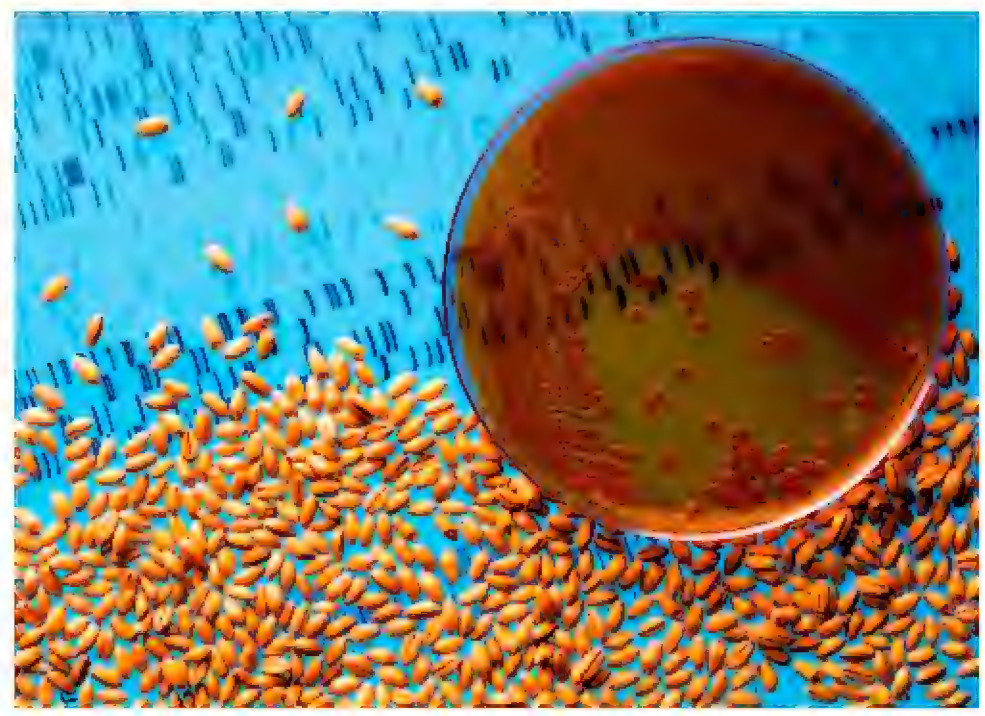


Figura 2. La sistematización y ordenamiento de la información genómica nos permitirá conocer la diversidad desde moléculas hasta ecosistemas y este conocimiento nos será útil para plantear estrategias de uso racional de la biodiversidad. Fotografía: Jack Dykinga CC0 vía *Wikimedia Commons*.

Perspectivas para una genómica ecológica

Los datos genómicos tienen un gran potencial para monitorear finamente al ambiente. Los microorganismos responden de forma rápida y sensible ante las perturbaciones ambientales y al mismo tiempo tienen la capacidad de ser resilientes ante los cambios. Gracias a estas características, en otros países como en Nueva Zelanda ya existen en operación los llamados Observatorios Genómicos, en los que, a partir del estudio de la diversidad genómica microbiana, se han identificado especies marcadoras de salud y enfermedad ambiental.

Estudios genómico-ambientales se han aplicado también a derrames petroleros, como en el caso del *Deep Horizon*, un derrame donde en la primavera de 2010 se vertieron cerca de cuatro millones de barriles en el fondo del Golfo de México (Para ver el estudio completo: https://goo.gl/IKfVPR). En esta zona, se reconocieron especies microbianas y genes que podrían ser clave para atender futuras contingencias de hidrocarburos y derivados porque degradan hidrocarburos (Figura 3). Estos estudios permiten además tener elementos para evaluar la resiliencia de los ecosistemas ante perturbaciones.

Recursos genéticos y genómica

Además de su potencial para descubrir nuevas especies y funciones para la ciencia, las metodologías metagenómicas tienen la capacidad de desarrollar aplicaciones, por ejemplo, producir nuevos fármacos y procesos biotecnológicos útiles a nivel industrial. En este sentido, independientemente de que estemos de acuerdo o no, la carrera de explotación de recursos genéticos ya empezó. Las diferencias en la forma en que se usa la ciencia y la tecnología han puesto a la cabeza del pelotón a un puñado de países que están patentando los recursos que existen en la naturaleza, por ejemplo, en los mares. Se estima que 70% de las patentes de productos marinos pertenecen solamente a tres países: Estados Unidos, Japón y Alemania (por ejemplo, véase Diez países reclaman el 90% de las patentes de genes de origen marino). Las aplicaciones potenciales son muchas y lo que se debe

Figura 3 Derrame del Deep Horizon en la primavera del 2010 en el Golfo de México. La resiliencia es la capacidad de comunidades y ecosistemas para indicar la capacidad de resistir perturbaciones (incendios, inundaciones, etc.) y regenerarse después de la perturbación. Con metagenómica podemos estudiar los perfiles taxonómicos y metabólicos que son fuente de dicha resiliencia. Fotografía: US Coast Guard CC0 vía *Wikimedia Commons*.

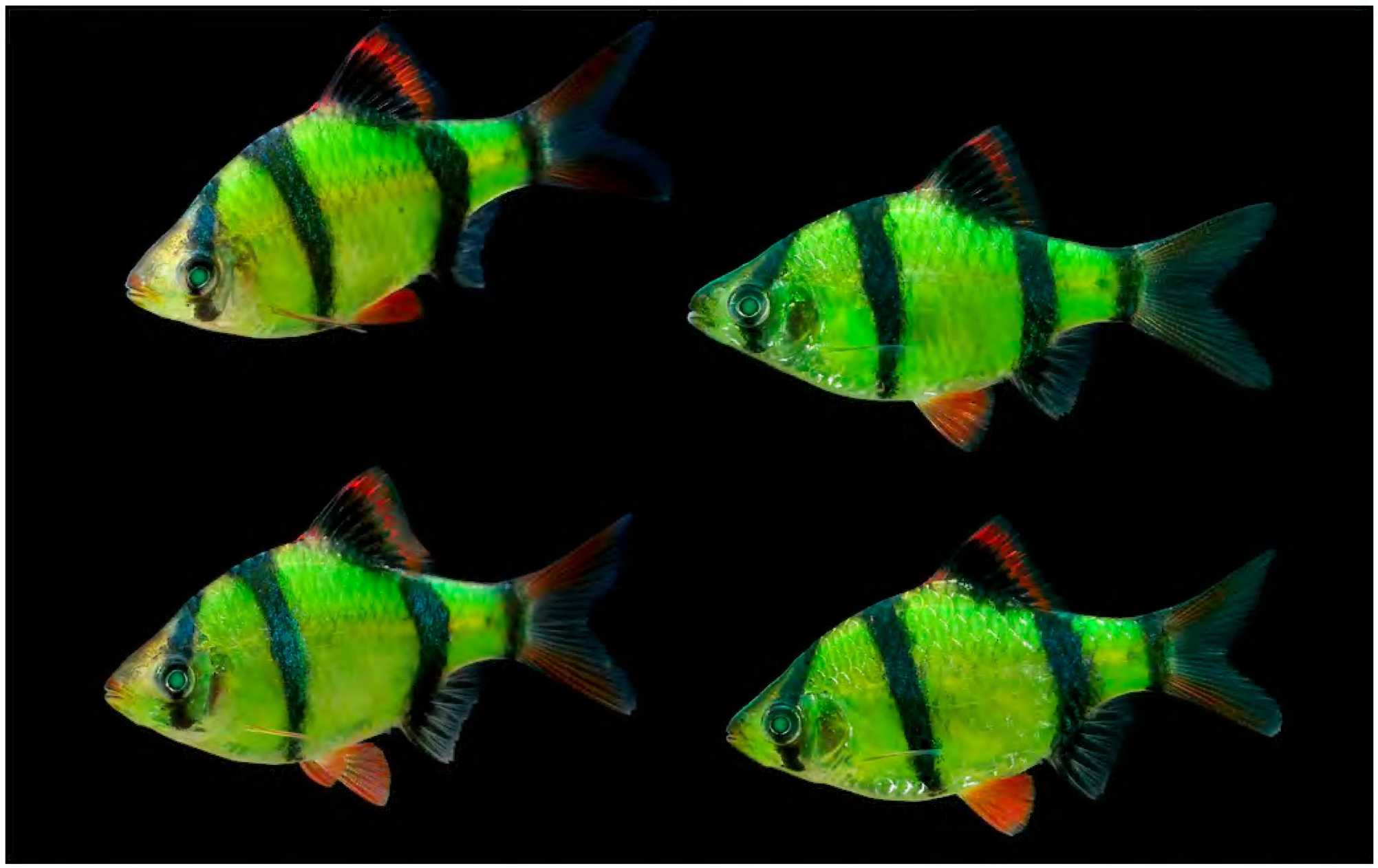


Figura 4. Peces mascota modificados genéticamente con variantes de la proteína verde fluorescente (GFP), un ejemplo de la comercialización derivada del estudio de genes de origen marino. Fotografía: www.GloFish.com

de evitar es la biopiratería, que es beneficiarse de un recurso sin darle este beneficio al dueño, en muchos casos el país donde vive el organismo del cual se deriva la aplicación. Ejemplos de patentes de genes hay varios y van desde genes relacionados a la producción de alcaloides, antibióticos, hasta antixoidantes y pigmentos como los carotenoides. Un ejemplo famoso son los genes que codifican para la proteína verde fluorescente (GFP por sus siglas en inglés) que se utiliza para fines de investigación biomédica, se aisló el gen de una medusa marina (*Aequorea victoria*) y le valió el premio Nobel de química en 2008 a sus descubridores, su uso fuera de la investigación incluye la venta de mascotas transgénicas como peces *GloFish* que tienen variantes de genes GFP (Figura 4).

La diversidad microbiológica de México, aunque es uno de los 5 países megadiversos del planeta a nivel de macro especies, apenas comienza a estudiarse a nivel molecular. El Instituto de Ecología de la UNAM fue pionero en la secuenciación metagenómica en México, con una serie de estudios de Cuatro Ciénegas (Figura 5).

En la actualidad también se realizan estudios de este tipo en otras dependencias de la UNAM, como en la Facultad de Química, el Instituto de Biotecnología, el Centro de Ciencias Genómicas. También se están haciendo análisis metagenómicos en el CINVESTAV Irapuato, LANGEBIO y Zacatenco, en el INMEGEN y en la UAM. Otros grupos comienzan a utilizar esta metodología en las universidades públicas estatales y centros de investigación de nuestro país. Estos estudios genómicos y metagenómicos de la diversidad microbiana del país se han realizado en ambientes muy distintos, desde cuerpos de agua, suelos, plantas, insectos, aves, alimentos tradicionales, hasta los novedosos estudios del intestino humano (microbioma humano). Todos ellos son ambientes fértiles para vivir como microorganismo.

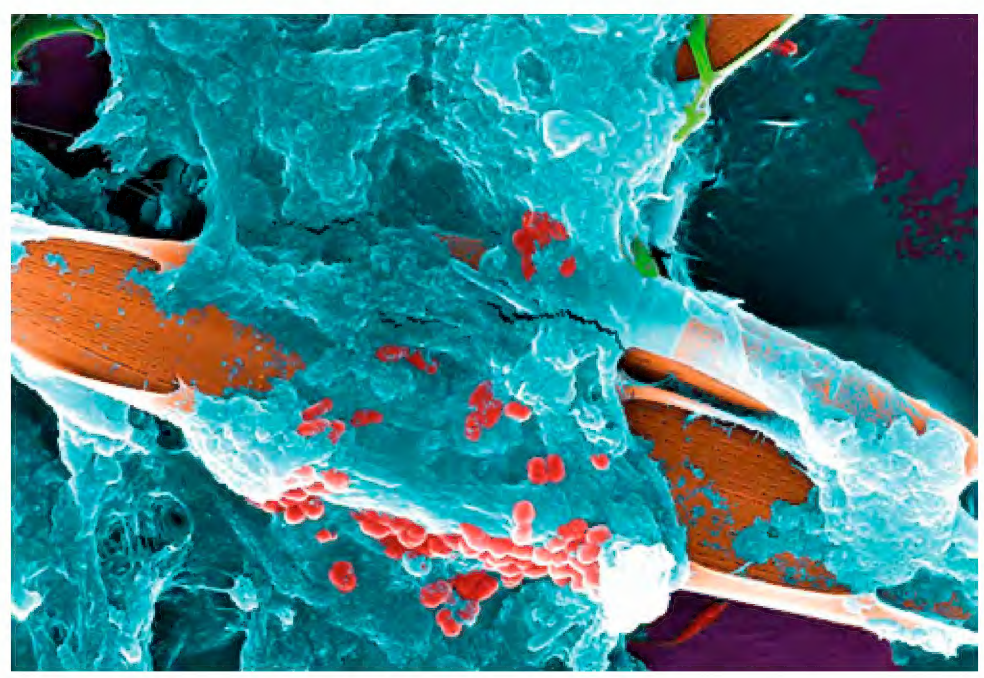


Figura 5 Micrografía de un tapete de microorganismos. Aunque casi indistinguibles a la vista tienen el repertorio metabólico de este planeta en sus genomas. Micrografía: Janice Haney Carr CC0 vía PIXNIO.

¿Cómo defender nuestros recursos genéticos?

Gracias a esta mayor capacidad para conocer nuestros recursos genéticos, resulta atractivo usarlos con diversos fines: médicos, agrícolas, etcétera. Es importante que siempre se reconozca apropiadamente la procedencia de los recursos genéticos, y que se aplique adecuadamente el Protocolo de Nagoya. De esta manera los recursos son utilizados en forma justa, ya que se reconocen los usos y quiénes son los usuarios tradicionales. Si no nos aseguramos de que la información genómica esté organizada de manera sistemática y que sea fácilmente accesible, podemos ser presas de la biopiratería, ya que para solicitar una patente no es necesario detallar la procedencia del organismo ni por ende de sus genes. Esto constituye un hueco legal que organismos nacionales e internacionales deben atender.

Es posible proteger los recursos genéticos de México si se coordinan los esfuerzos de caracterización de la diversidad a nivel genómico. La herramienta ideal son bases de datos que sean coordinadas por instancias públicas. En Estados Unidos por ejemplo, si se hace investigación con dinero público, se está obligado a depositar los datos de secuenciación de genes y genomas en bases de datos públicas y libres como el banco de genes (Genbank). En México, actualmente no existe la obligación de publicar las secuencias genómicas de nuestra biodiversidad aunque la investigación se haya hecho con financiamiento público, por ejemplo con apoyo del CONACYT. Si bien muchos investigadores depositan las secuencias obtenidas en el Genbank, lo hacen para cumplir las normas internacionales que se requieren para publicar artículos en revistas científicas, pero en México no hay ninguna exigencia al respecto. Muy probablemente la CONABIO podría fungir como salvaguarda de la información genética y genómica como bien lo hace con la información de biodiversidad en la actualidad.

Queda claro que en México tenemos huecos legales qué cubrir en relación con la investigación genómica. Entre otros huecos, se tiene que gestionar que la declaración de la información genómica sea obligatoria en México. Esta información debería incluir los datos de las secuencias depositados, así como sus metadatos, es decir: coordenadas geográficas, fecha de muestreo, tipo de material biológico, etcétera, información que se incluye para depositar cualquier material biológico en una colección.

Para estos fines, se puede aprovechar la experiencia de la comunidad académica internacional de genómica; por ejemplo seguir lineamientos de clasificación como los que se proporcionan en el consorcio de estándares genómicos (GSC). Esta práctica, además de ya estar probada, tendrá la ventaja de facilitar el compartir información con otras bases de datos similares.

Perspectivas: uso de la diversidad genómica y sustentabilidad

El conocimiento de nuestra diversidad a nivel genómico ha sido sistematizado en programas de investigación a largo plazo y monitoreo como los observatorios genómicos. Contar con bases de datos en las que se transparente la información relacionada con nuestros recursos genéticos, es fundamental para proteger el patrimonio genético de nuestro país. Además, la generación de aplicaciones desarrolladas a partir de estudios genómicos cuya información sea pública, implica entender que dichas tecnologías son patrimonio de la nación y no de particulares, con lo que se privilegia el interés colectivo sobre los comerciales y privados. Es necesario reconocer que actualmente la investigación genómica en nuestro país se genera con fondos públicos, y de generarse beneficios, éstos también deben de ser públicos.

El uso racional de la biodiversidad es una de las muchas aristas para lograr la sustentabilidad, pero no se puede usar racionalmente lo que no conocemos. Por lo tanto, las herramientas genómicas pueden y deben contribuir al servicio de este conocimiento; es necesario además lograr un uso justo y sostenible de nuestra biodiversidad, que comprende desde las moléculas hasta los ecosistemas.

Luis David Alcaraz. Estudió Biología en la Facultad de Ciencias de la Universidad Nacional Autónoma de México. Obtuvo el Doctorado en Biotecnología en el CINVESTAV Irapuato. Realizó una primera estancia postdoctoral en el Centro Superior de Investigación en Salud Pública en Valencia, España, y, posteriormente, una breve segunda estancia postdoctoral en la Wilfrid Laurier University de Canadá. En 2012 regresó a México al Instituto de Ecología de la UNAM, en donde es investigador. Estudia genomas y metagenomas de bacterias, tanto de vida libre, como de ambientes contaminados y en asociación con otras especies como los microbiomas de plantas y humanos. Disfruta analizar genomas de plantas, hongos y otras especies utilizando herramientas bioinformáticas.

Para saber más

- Clark D.P., Gibson G. y A., Maczulak. 2011. *Germs, Genes, and Bacteria: How They Influence Modern Life* (Collection). Pearson Education. 696 pp.
- Trens Flores, E. y V.M., Morales Lechuga. 2003. A propósito de la patente de los genes. *Revista de la Facultad de Medicina UNAM* V46-6. Noviembre-Diciembre.

SCME

SOCIEDAD CIENTÍFICA MEXICANA DE ECOLOGÍA A. C.

Invita al

VI CONGRESO MEXICANO DE ECOLOGÍA

Teoría y manejo para el funcionamiento del planeta

Se invita a los miembros de la SCME, a las instituciones académicas públicas y privadas, y a todas las personas interesadas en la investigación en Ecología, a enviar los resúmenes de trabajos en forma de contribuciones orales o carteles, que surjan de estudios no solamente ecológicos, sino también multi-, inter- o transdisciplinarios (Ecología, Conservación y Evolución), en todo tipo de ambientes (terrestres o acuáticos) y organismos (plantas, animales, hongos, bacterias y virus). También se aceptarán trabajos teóricos, meta-análisis y revisiones.

FORMAS DE PARTICIPACIÓN

- CURSOS PRECONGRESO
- CONFERENCIAS MAGISTRALES
- SIMPOSIOS
- CARTELES Y PRESENTACIONES ORALES

30 julio al 4 de agosto **2017** | Poliforum de la ciudad de León, Guanajuato, México